

Máster Interuniversitario en Estadística e Investigación Operativa UPC-UB

Título: Método de concordancia bayesiano y su aplicación en problemas de clasificación multiclase con categorías desequilibradas

Autor: Ricardo Stalin Borja Robalino

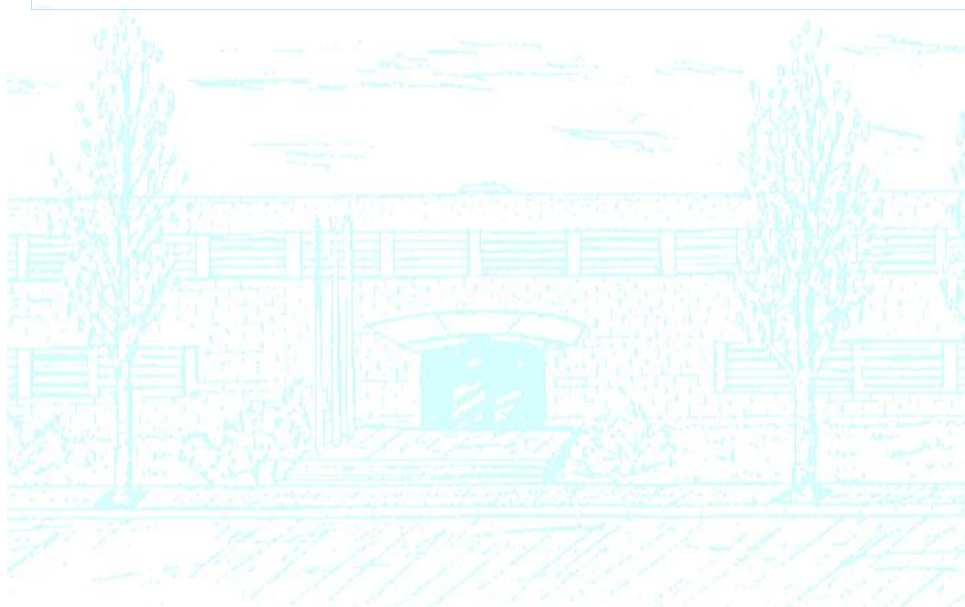
Director: Antonio Monleón Getino

Co-director: José Rodellar Benedé

Departamento: Estadística e investigación operativa.

Universidad: Universidad Politécnica de Cataluña

Convocatoria: Enero 2019



UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE CATALUNYA
BARCELONATECH

Facultat de Matemàtiques i Estadística





UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE CATALUNYA
BARCELONATECH

Facultat de Matemàtiques i Estadística



UNIVERSITAT DE BARCELONA



Facultat de Matemàtiques i Estadística
Universitat Politècnica de Catalunya

Tesis de máster

Master en Estadística e Investigación Operativa

Método de concordancia bayesiano y su aplicación en problemas de clasificación multiclase con categorías desequilibradas

Autor: Ricardo Stalin Borja Robalino

Director: Antonio Monleón Getino

Co-director: José Rodellar Benedé

Departamento de Estadística e Investigación Operativa

Barcelona, enero de 2019

Agradecimientos

Elaborar un trabajo de postgrado es un mérito personal debido al compromiso, responsabilidad, disciplina, sacrificio e investigación que requiere; sin embargo, éste no sería posible sin el valioso apoyo de todas aquellas personas que han fomentado el desarrollo intelectual y profesional.

Agradezco a los docentes por sus conocimientos transmitidos para alcanzar esta meta.

A todas las personas que conforman el grupo Cellsilab, en especial a las doctoras Anna Merino y Laura Boldú, así como también al Doctor Santiago Alferéz por su importante aporte con la información necesaria para esta investigación.

De manera especial, mi profundo agradecimiento al Dr. Antonio Monleón Getino y José Rodellar Benedé - directores de tesis, quien con capacidad, experticia y paciencia supieron orientarme y asesorarme acertadamente para la culminación de este proyecto de investigación. Gracias estimados maestros por sus sabios conocimientos.

Finalmente, un agradecimiento muy especial merece también la comprensión, paciencia y el ánimo recibido de mi familia y amigos, pues se dice que la gratitud es la memoria del alma.

A todos ellos, muchas gracias

Dedicatoria

Dedico este trabajo fruto de mi esfuerzo y perseverancia:

- Primeramente, Dios por guiarme y darme la fortaleza para llegar hasta este momento tan importante de mi formación.
- A mis padres, por ser los pilares fundamentales de mi vida, mi motivación y fortaleza, por apoyarme en todas mis decisiones, gracias a su dedicación, constancia, sacrificio, hoy puedo terminar una fase muy importante de mi carrera profesional.
- A mi hermana, cuñado y sobrin@s, quienes con sus palabras de aliento han sido un estímulo para seguir adelante y cumplir con mis ideales.
- A mis amigos y seres queridos por permitirme aprender más de la vida a su lado

¡Esto es posible gracias a ustedes!

Índice General

1. Introducción y objetivo	8
2. Metodología	10
2.1 Estadística Frecuentista	10
2.1.1 Distribuciones de probabilidad	10
2.1.2 Concordancia	17
2.1.3 <i>Gold estándar</i> o patrón de referencia (GS)	17
2.1.4 Tipos de concordancia según la clase de variable	17
2.1.5 Medidas de acuerdo para variables categóricas	18
2.2 Inferencia bayesiana	19
2.2.1 Teoría de la decisión	19
2.2.2 Teorema de Bayes	21
2.2.3 Cadenas de Markov y algoritmo de Markov Chain Monte Carlo (MCMC)	22
2.2.4 Tipos de distribución a priori y familias conjugadas	25
2.3 Método frecuentista VS Método Bayesiano	27
2.4 Aplicaciones informáticas para análisis bayesiano	28
2.5 Comandos principales para la implementación de la aplicación informática	29
2.5.1 Función: <code>freqCI</code>	29
2.5.2 Función: <code>confusionMatrix</code>	29
2.5.3 Función: <code>jags.model</code>	29
2.5.4 Función: <code>coda.samples</code>	30
2.5.5 Función: <code>dic.samples</code>	30
2.5.6 Función: <code>acfplot</code>	31
2.5.7 Función: <code>gelman.diag</code>	31
2.5.8 Función: <code>heidel.diag</code>	31
2.5.9 Función: <code>raftery.diag</code>	31

2.5.10	Función: <code>gelman.plot</code>	32
2.6	Revisión del estado del arte	32
3. Diseño de una librería en el lenguaje de programación R para el análisis de concordancia frecuentista y bayesiano en datos con variables dicotómicas y politómicas		
		38
3.1	Objetivo práctico	38
3.2	Procedimiento metodológico del diseño.....	39
3.3	Funciones principales y secundarias de la librería <code>KFreqBay</code>	40
3.4	Modelos Bayesianos	41
3.5	Librería <code>KfreqBay</code> : instalación, parámetros de entrada, funcionamiento y outputs ..	45
3.6	Pruebas preliminares de la librería <code>KFreqBay</code> y análisis de sensibilidad	53
4. Aplicación de la librería KFreqBay en la clasificación de células leucémicas en sangre periférica – Hospital Clinic		
		55
4.1	Conceptos básicos	55
4.1.1	Células Sanguíneas	55
4.1.2	Sistema inmune - células linfoides y mieloides	56
4.1.3	Leucemia.....	57
4.2	Antecedentes.....	59
4.3	Aplicación de la librería <code>KFreqBay</code> a la clasificación de células leucémicas en sangre periférica – Hospital Clínic.	60
5. Discusión y conclusiones		74
Bibliografía.....		78
Apéndice A.....		83
Apéndice B.....		98
Apéndice C.....		114
Apéndice D.....		121

Índice de figuras

Figura 1 1: Variación de kappa en relación a la Accuracy y baserate.....	8
Figura 2 1: Función de densidad $X \sim N(0,1)$	11
Figura 2 2: Función de densidad $X \sim U(0,1)$	12
Figura 2 3: Función de masa $X \sim B(2,0.5)$	13
Figura 2 4: Función de masa $X \sim Pois(5)$	14
Figura 2 5: Función de densidad $X \sim Beta(2,2)$ y $X \sim Beta(2,3)$	15
Figura 2 6: Función de densidad $X \sim Dir(0.1)$, $X \sim Dir1$ y , $X \sim Dir(10)$	16
Figura 2 7: Función de densidad $X \sim G(1,1)$ y $X \sim G(2,2)$	17
Figura 2 8: Árbol de decisión.	20
Figura 2 9: Ejemplificación del Teorema de Bayes con múltiples probabilidades	22
Figura 2 10: Algoritmo MCMC bidimensional.	24
Figura 2 11: Sensibilidad, especificidad, intervalo de confianza y acuerdo.	33
Figura 2 12: Estimación de la sensibilidad y especificidad a través de métodos bayesianos.	34
Figura 3 1: Procedimiento metodológico del diseño.	39
Figura 3 2: Instalación de un paquete en RStudio tipo tar.	45
Figura 3 3: Ubicación del paquete tipo tar.	45
Figura 3 4: Proceso de instalación del paquete KFreqBay en RStudio.....	46
Figura 3 5: Activación del paquete KFreqBay en RStudio.	46
Figura 3 6: Generación de datos politómicos aleatorios a través del número de categorías y tamaño muestral.	48
Figura 3 7: Generación de datos politómicos aleatorios a través del número de categorías y probabilidades.....	48
Figura 3 8: Especificación del número de observadores y su precisión de clasificación.	48
Figura 3 9: Elección del análisis bayesiano incluyendo información a priori.	49
Figura 3 10: Elección de grafica de densidad kappa entre un par de observadores.....	49
Figura 3 11: Elección de análisis de convergencia y test de estacionariedad entre un par de observadores.	49
Figura 3 12: Graficas, análisis de convergencia y estacionariedad entre todos los pares de observadores.	50
Figura 3 13: Análisis de concordancia con cambio del tamaño de muestra.	50
Figura 3 14: Análisis de concordancia utilizando una base de datos externa.	50
Figura 3 15: Gráfica de categorías según el porcentaje.	51
Figura 3 16: Gráfica de densidad kappa frecuentista y bayesiano.....	51
Figura 3 17: Gráfica de autocorrelación y diagnóstico de convergencia de Gelman Rubin.	52
Figura 3 18: Reporte final del análisis de concordancia con el método frecuentista y bayesiano.	52
Figura 4 1: Glóbulos Rojos	55
Figura 4 2 Glóbulos Blancos.....	56
Figura 4 3:Plaquetas.....	56

Figura 4 4: Clasificación de las células sanguíneas.....	57
Figura 4 5: Imágenes digitales de células sanguíneas obtenidas por microscopio.....	59
Figura 4 6: Teorema de Bayes aplicado a datos de células leucémicas.....	61
Figura 4 7: Base de datos Leucemias – Hospital Clínic.....	62
Figura 4 8: Gráfica de frecuencias – TRUE.....	63
Figura 4 9: Gráfica de frecuencias- LDA.....	63
Figura 4 10: Gráfica de frecuencias-LDA Balanceado.....	63
Figura 4 11: Gráfica de frecuencias -SVM.....	63
Figura 4 12: Gráfica de frecuencias- SVM Balanceado.....	63
Figura 4 13: Gráfica de frecuencias- RF.....	63
Figura 4 14: Gráfica de frecuencias- RF Balanceado.....	64
Figura 4 15: Gráfica de densidad kappa –Observ:1-2.....	64
Figura 4 16: Gráfica de densidad kappa –Observ:1-3.....	64
Figura 4 17: Gráfica de densidad kappa – Observ:1-4.....	65
Figura 4 18: Gráfica de densidad kappa – Observ:1-5.....	65
Figura 4 19: Gráfica de densidad kappa – Observ:1-6.....	65
Figura 4 20 Gráfica de densidad kappa – Observ:1-7.....	65
Figura 4 21:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-2.....	66
Figura 4 22:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-3.....	66
Figura 4 23:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-4.....	66
Figura 4 24:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-5.....	66
Figura 4 25:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-6.....	67
Figura 4 26:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-7.....	67
Figura 4 27: Reporte Final 4365 células con 7 clasificadores – Modelo Dirichlet – Dirichlet.....	68
Figura 4 28: Gráfica de evolución del índice kappa y precisión según el tamaño muestral.....	71
Figura 4 29: Gráfica de evolución del índice kappa y precisión según el tamaño muestral.....	72

Índice de tablas

Tabla 2 1: Interpretación de los valores del índice kappa según el rango de valores.....	18
Tabla 2 2: Tabla de frecuencias - variables dicotómicas.....	18
Tabla 2 3: Familias conjugadas.....	26
Tabla 2 4: Reglas de decisión del Factor Bayes.....	26
Tabla 2 5: Características del Método Frecuentista VS el Método Bayesiano.....	27
Tabla 2 6: Aplicaciones informáticas para análisis bayesiano con interacción de R.....	28
Tabla 3 1: Resultado del método frecuentista en pruebas preliminares.....	53
Tabla 3 2: Resultados del método bayesiano en pruebas preliminares y análisis de sensibilidad del paquete KFreq Bay.....	54
Tabla 4 1: Clasificación de la leucemia mieloide aguda -FAB.....	58
Tabla 4 2: Clasificación de la leucemia linfocítica aguda.....	58
Tabla 4 3: Frecuencia inicial de 7 tipos de células leucémicas- Hospital Clínic.....	60
Tabla 4 4: Frecuencia final de 4 clases de células leucémicas- Hospital Clínic.....	60
Tabla 4 5: Prevalencia de casos en células leucémicas – Hospital Clínic.....	70

Tabla 4 6: Resultados índice kappa del método frecuentista bayesiano aplicando los 3 modelos bayesianos y prevalencias.	70
Tabla 4 7: Índice kappa y precisión de observadores 1-2 con diferente tamaño muestral – células leucémicas.	71
Tabla 4 8: Índice kappa y precisión de observadores 1-6 con diferente tamaño muestral – células leucémicas.....	72
Tabla 5 1: Tasa de error del índice kappa bayesiano versus frecuentista en muestras simuladas.....	75
Tabla 5 2: Tasa de error del índice kappa bayesiano versus frecuentista en datos de células leucémicas.	76
Tabla 5 3: Coste computacional en la ejecución de la librería K_Freq_Bay.	77

Resumen

Antecedentes: Actualmente la clasificación de fenómenos se dificulta por la masiva existencia de casos donde algunas clases están muy poco representadas en comparación con otras, refiriéndonos así a datos multiclase desequilibrados que impiden un óptimo desempeño del clasificador. Los análisis de concordancia ya sea entre un *gold estándar* (patrón) y un clasificador o a su vez entre dos clasificadores utilizan el índice kappa como elemento de validación que permite realizar una comparación confiable basada en la relación entre la precisión observada y la esperada, demostrando gran sensibilidad para casos desbalanceados.

Los métodos bayesianos han ganado terreno especialmente en el área de la salud en la mayoría de cálculos estadísticos, permitiendo a través del teorema de Bayes y la teoría de la decisión generar modelos que adicione información del fenómeno en la distribución a priori transmitiéndola a la distribución a posteriori con la ayuda de métodos de simulación de cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC).

Objetivo: Ayudar a solucionar problemas de clasificación multiclase con categorías desequilibradas, los cuales son cada vez más comunes debido a la aparición de nuevos métodos procedentes del campo del aprendizaje automático, poniendo el enfoque en métodos de concordancia con la aplicación de la inferencia estadística. Obteniendo la estimación puntual del parámetro de interés a través de modelos que presenten robustez y exactitud en sucesos con probabilidades extremas, permitiendo la inserción de información en la distribución a priori en forma de probabilidad.

Métodos: El trabajo se centra en el diseño de una librería para el lenguaje R llamada K_Freq_Bay, que posee funciones principales y secundarias que permite obtener el análisis frecuentista y bayesiano en problemas de clasificación categóricos multiclase. El enfoque bayesiano trabaja con tres modelos planteados: Dirichlet-Dirichlet, Dirichlet-Multinomial y Beta-Beta. La librería proporciona un informe con las estimaciones del índice kappa y estadísticas básicas en los dos métodos aplicados, gráficas de densidad kappa frecuentista y bayesiano, análisis de convergencia de Gelman Rubin, análisis de estacionariedad de Von Mises y análisis descriptivo de categorías. En la validación de la librería K_Freq_Bay se aplica los tres modelos planteados a simulaciones del *gold estándar* y tres observadores con cinco categorías y tamaños muestrales de 921 y 9000 con información a priori de prevalencias de clases equiprobables y probabilidades de 0.15,0.40,0.05,0.20,0.20 por clase.

El grupo Cellsilab formado por investigadores del Laboratorio CORE del Centro de Diagnóstico Biomédico del Hospital Clínic de Barcelona y del Departamento de Matemáticas de la Universitat Politècnica de Catalunya trabajan en el proyecto de clasificación automática de imágenes digitales de sangre periférica para su aplicación al diagnóstico inicial de leucemias y linfomas. Se aplicó la librería K_Freq_Bay a la base de datos proporcionadas por Cellsilab de 4365 clasificaciones de células leucémicas con cuatro categorías: células reactivas (CLR), células leucémicas linfocíticas agudas (LAL), células leucémicas agudas mieloides (LAM-MIELOIDE) y células leucémicas agudas mieloides promielocítica (LAM-PROMIELOCÍTICA), utilizando algoritmos de aprendizaje supervisado como: Análisis Discriminante Lineal (LDA), Support Vector Machine (SVM) y Random Forest (RF). La información a priori utilizada en los modelos bayesianos fue la equiprobabilidad y la prevalencia de cada tipo de leucemia tanto en el Hospital Clínic como a nivel de España.

Resultados y conclusiones: La utilización del índice Kappa para problemas de clasificación multiclase desequilibradas es óptima debido a su diferencia normalizada entre la tasa de acuerdo observada y la que se esperaría puramente por casualidad. Esto se debe a que la precisión esperada posee dependencia frente al número de categorías y su desequilibrio, ya que cuantas

más categorías y mayor diferencia en la frecuencia entre clases exista se considera más difícil clasificar correctamente un evento que habitualmente implica valores más bajos de kappa.

La aplicación de la librería K_Freq_Bay a datos simulados y a la clasificación de células leucémicas permitió concluir que el mejor modelo que permite estimar con gran exactitud y robustez el índice kappa bayesiano con tasas de exactitud menores a 1.5% es la asignación de dos distribuciones a priori Dirichlet en casos en los que la información a priori es nula, regular o extrema. Mientras que los otros dos modelos presentan sensibilidad a la inclusión de información a priori extrema generando densidades kappa demasiado leptocúrticas y platicúrticas que demuestran precisión, pero no exactitud. Es importante recalcar que cuanto más específica y extrema fue la información a priori, los modelos mejoraron su exactitud.

En el caso de la aplicación en células leucémicas, el análisis del índice kappa se basa en la tabla valorativa de la concordancia de Landis y Koch, mostrando un buen acuerdo entre el *gold estándar* y los clasificadores LDA y SVM. Por lo tanto, los algoritmos tanto balanceados como desequilibrados clasifican efectivamente las células leucémicas en base a la proximidad con la realidad.

La librería diseñada K_Feq_Bay permite realizar pruebas educativas claras y eficaces, ya sea simplemente por simulación de datos o aplicados a una base específica, relacionadas al análisis de concordancia bayesiano y frecuentista para casos multiclase desequilibrados en donde es de gran importancia la interpretación del índice kappa.

Palabras clave: Concordancia, índice kappa, precisión, inferencia bayesiana, distribuciones de probabilidad, *gold estándar*, células leucémicas, sangre periférica, métodos de clasificación.

Abstract

Background: Currently the classification of phenomena is hindered by the massive existence of cases where some classes are poorly represented compared to others, thus referring to unbalanced multiclass data, which impedes a good performance of the classifier. The analysis of the agreement and the sea between a standard gold (pattern) and a classifier or once between two classifiers use the index kappa as a validation element that allows to make a reliable comparison in the relationship between precision and hope, showing great sensitivity for unbalanced cases.

Bayesian methods have gained ground especially in the area of health in most of the statistical calculations, in the sense of Bayes' theory and in the theory of the decision in the results in which the information of the phenomenon is added in the a priori distribution by transmitting it to the a posteriori distribution with the help of Monte Carlo Markov chain simulation methods (MCMC).

Objective: Help to solve multiclass classification problems with unbalanced categories that are increasingly common due to the emergence of new methods from the field of machine learning. The focus is on methods of concordance with the application of statistical inference. Obtaining the point estimate of the parameter of interest through models that show robustness and accuracy in events with extreme probabilities, allowing the insertion of information in the a priori distribution in the form of probability.

Methods: The work focuses on the design of a library for the R language called K_Freq_Bay which has main and secondary functions that allow frequentist and Bayesian analysis in categorical multiclass problems. The Bayesian approach works with three proposed models: Dirichlet-Dirichlet, Dirichlet-Multinomial and Beta-Beta. The library provides a report with the estimates of the kappa index and basic statistics in the two applied methods, kappa frequentist and bayesian density graphs, Gelman Rubin convergence analysis, von Mises stationarity analysis and descriptive analysis of categories. In the validation of the K_Freq_Bay library, the three proposed models are applied to simulations of the gold standard and three observers with five categories and sample sizes of 921 and 9000 with a priori information of prevalences of equiprobable classes and probabilities of 0.15,0.40,0.05,0.20, 0.20 per class.

The Cellsilab group formed by researchers from the CORE Laboratory of the Biomedical Diagnostic Center of the Hospital Clínic of Barcelona and the Mathematics Department of the Universitat Politècnica de Catalunya work on the project of automatic classification of peripheral blood digital images for its application to the initial diagnosis of leukemias and lymphomas. The K_Freq_Bay library was applied to the database provided by Cellsilab of 4365 classifications of leukemic cells with four categories: reactive cells (CLR), acute lymphocytic leukemia cells (LAL), acute myeloid leukemia cells (LAM-MIELOID) and acute leukemic cells Promyelocytic myeloids (LAM-PROMIELOCÍTICA), using supervised learning algorithms such as: Linear Discriminant Analysis (LDA), Support Vector Machine (SVM) and Random Forest (RF). The a priori information used in the Bayesian models was the equiprobability and the prevalence of each type of leukemia both in the Hospital Clínic and in Spain.

Results and conclusions: The use of the Kappa index for unbalanced multiclass classification problems is optimal due to its normalized difference between the rate of agreement observed and that which would be expected purely by chance. This is due to the fact that the expected accuracy is dependent on the number of categories and their imbalance, since the more categories and the

greater the difference in the frequency between classes, it is considered more difficult to correctly classify an event that usually implies lower kappa values.

The application of the K_Freq_Bay library to simulated data and to the classification of leukemic cells allowed us to conclude that the best model that allows to estimate with great accuracy and robustness the Bayesian kappa index with accuracy rates of less than 1.5% is the assignment of two Dirichlet distributions a priori cases in which the a priori information is null, regular or extreme. While the other two models present sensitivity to the inclusion of extreme a priori information, generating kappa densities that are too leptocurtic and platycurtic, showing precision but not accuracy. It is important to emphasize that the more specific and extreme was the information a priori, the models improved their accuracy.

As a result of the application in leukemic cells, the analysis of the kappa index is based on the Landis and Koch concordance table, showing a good agreement between the gold standard and the LDA and SVM classifiers. Therefore, both balanced and unbalanced algorithms effectively classify leukemic cells based on proximity to reality.

The library designed K_Feq_Bay allows to carry out clear and effective educational tests, either simply by simulation of data or applied to a specific base, related to the analysis of Bayesian and frequentist agreement for unbalanced multiclass cases where interpretation of the kappa index is of great importance.

Key words: Concordance, kappa index, precision, bayesian inference, probability distributions, gold standard, leukemic cells, peripheral blood, classification methods.

Notación

Distribuciones de probabilidad

iid	Independientes e idénticamente distribuidas.
μ	Media muestral.
σ	Desviación típica o medida del grado de dispersión de los datos con respecto al valor promedio.
X	Conjunto de variables aleatorias
$\mathbb{E}[X]$	Media o valor esperado de la variable aleatoria.
$Var[X]$	Varianza - segundo momento central alrededor de la media.
\mathbb{R}	Conjunto de números reales.
$f(x)$	Función de densidad o masa.
p	Probabilidad de éxito.
q	Probabilidad de fracaso.
$X \sim N(\mu, \sigma)$	Distribución Normal.
$X \sim U(a, b)$	Distribución Uniforme.
$X \sim Ber(p)$	Distribución de Bernoulli.
$X \sim B(n, p)$	Distribución Binomial.
$X \sim Poi(\lambda)$	Distribución de Poisson.
$X \sim Beta(\alpha, \beta)$	Distribución Beta.
$X \sim Dir(\alpha)$	Distribución Dirichlet.
$X \sim G(\alpha, \theta)$	Distribución Gama.
\therefore	Por lo tanto.

Inferencia bayesiana

$!$	Factorial.
$S_1 \dots S_k$	Número de sucesos.
Ω	Espacio muestral paramétrico.
\cap	Intersección.

$\bigcup_k x$	Unión con límite inferior.
$\Gamma(\alpha)$	Función Gama.
$\prod_{i=1}^k x$	Producto con límites.
GS	<i>Gold estándar.</i>
k	Índice Kappa.
P_o	Proporción de concordancia observada.
P_e	Proporción de concordancia esperada por puro azar.
CI	Intervalo de confianza.
N	Número total de predicciones de todas las categorías.
z^2	Test de Mc Nemar.
\mathbb{D}	Conjunto de decisiones.
\mathbb{E}	Conjunto de inciertos relevantes.
\mathbb{C}	Consecuencia de cada evento.
\succ	Relación de orden (Sucedee).
\preceq	Sucedee o es igual.
$P(Y X)$	Verosimilitud del evento Y dado X
$P(X)$	Probabilidad a priori.
$\pi(X Y)$	Probabilidad a posteriori.
\propto	Proporcional a.
MCMC	Algoritmo de Markov Chain Monte Carlo.
\sim	Proceso estocástico.
MH	Algoritmo de Metrópolis Hastings.
SRF	Factor de reducción de escala de Gelman Rubin.
BF	Factor de Bayes.
DIC	Criterio de información jerárquico generalizado de desviación.
AIC	Criterio de información de Akaike.
BIC	Criterio de información Bayesiano.

Capítulo I

Introducción y objetivo

El estudio de la variabilidad en la interpretación de un fenómeno de interés entre observadores humanos o a su vez de sistemas de clasificación, de un problema dicotómico o multiclase (también llamada “politómico”) fue uno de los puntos de partida de Cohen para el cálculo del índice kappa, que permite conocer cuál es el mejor o peor clasificador comparando la precisión observada (P_o) con la esperada (P_e). Donde P_o es el número de elementos clasificados correctamente y P_e se encuentra relacionado con la cantidad de instancias de cada clase junto con la cantidad de elementos que el observador o clasificador estuvo de acuerdo con la verdad absoluta (McHugh, 2012).

En los problemas de estudio muy rara vez nos encontramos con clases balanceadas en las cuales se analiza de manera específica la precisión total que a su vez concuerda con la sensibilidad y especificidad. Por ello, en fenómenos con múltiples categorías desequilibradas el índice kappa es un elemento de comparación confiable debido a la escala de relación con la precisión esperada y su susceptibilidad a clases sesgadas, siendo así un indicador de desempeño entre dos clasificadores. El índice kappa puede relacionarse con la confiabilidad en casos en los que se conoce la verdad absoluta (*gold estándar*). En caso contrario para la validez se utiliza la sensibilidad y la especificidad (Twain, 2014).

Bruckner y Yoder en su artículo “Interpreting kappa in observational research: baserate matters” recalca el uso del índice kappa en eventos que cumplen los supuestos de clases nominales, mutuamente excluyentes, exhaustivos e independientes y que poseen categorías desequilibradas, enfatizando que los valores kappa serán más bajos que los obtenidos en el caso equiprobable (baserate=probabilidad de clases) y además describe una relación lineal positiva con la precisión (véase la figura 1.1) (Bruckner & Yoder, 2006).

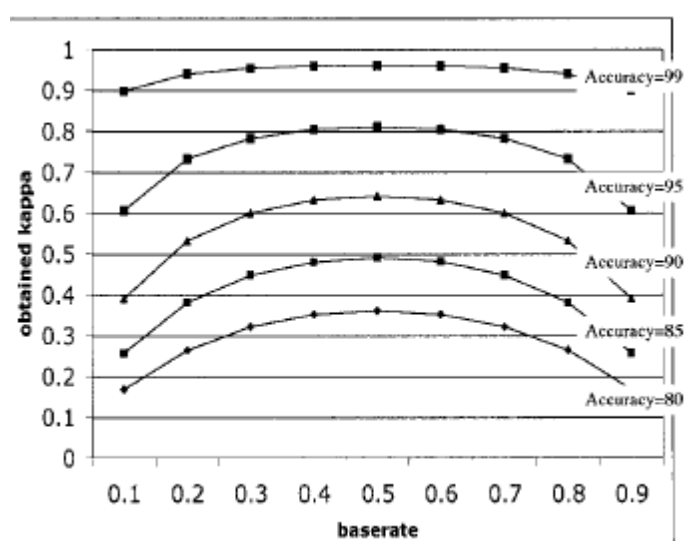


Figura 1 1: Variación de kappa en relación a la Accuracy y baserate (Bruckner & Yoder, 2006).

El uso de la metodología frecuentista basada únicamente en la información proporcionada por la muestra para el cálculo de kappa lidera los análisis de concordancia de fenómenos específicos. Sin embargo la existencia de procedimientos que cuantifiquen informaciones no muestrales que pueden incluir experiencias anteriores, apreciaciones de expertos, ideas del tipo subjetivo, opiniones del investigador, prevalencia, incidencia y ajustes a distribuciones específicas, han ido perfilando al enfoque bayesiano como una alternativa altamente promisorio. En este enfoque se establece la asignación de una distribución a priori $P(\theta)$ sobre el espacio paramétrico θ de tal manera que describa el conocimiento disponible sobre el valor a estimar θ , utilizando la teoría de la probabilidad a través de un modelo adecuado que permita incluir esta información dentro de la distribución a posteriori $\pi(\theta|X)$ (Núñez, 2012).

Este trabajo se centra en el análisis de concordancia para el caso de clases desequilibradas utilizando el índice kappa, con la inclusión de información adicional que permita el uso de métodos bayesianos demostrando robustez en el momento de realizar cálculos específicos de acuerdo entre observadores o clasificadores con un *gold estándar* o entre ellos.

El objetivo más concreto y tangible del trabajo es el diseño de la librería en RStudio que permitirá realizar un análisis de concordancia, aplicable a datos con variables dicotómicas y politómicas con categorías no balanceadas utilizando el método frecuentista y bayesiano mediante cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC), ya sea creando un *gold estándar* y clasificadores con distribución multinomial por simulación o a través de un conjunto de datos preestablecidos por el usuario.

En general se aplicará tres modelos bayesianos (dos distribuciones Dirichlet, una mixtura de una Dirichlet con una Multinomial y por último el uso de dos distribuciones Beta) que permiten obtener las mejores precisiones en cuanto al parámetro a ser estimado.

La librería diseñada tendrá su proceso de validación en datos simulados y en una base de datos del grupo de investigación Cellsilab proveniente de la clasificación de células leucémicas en sangre periférica de pacientes del Hospital Clínic, obtenidas mediante algoritmos de clasificación supervisado tales como Análisis Lineal Discriminante, Support Vector Machine y Random Forest aplicados tanto en clases balanceadas como también en las desequilibradas.

El proyecto se divide en varios capítulos. En el capítulo 2 se presenta la fundamentación teórica y la comparación de la estadística frecuentista e inferencia bayesiana, así como también una revisión del estado del arte. En el capítulo 3 se realiza el diseño de la librería KfreqBay que permite realizar simultáneamente el análisis frecuentista y bayesiano, validando su robustez y sensibilidad en datos simulados. En el capítulo 4 se aplica la librería KfreqBay a datos de células leucémicas proporcionadas por Cellsilab. Por último el capítulo 5 resume los resultados y conclusiones del trabajo.

Capítulo II

Metodología

Este capítulo presenta en primera instancia la fundamentación teórica sobre la estadística frecuentista, en cuanto a: distribuciones de probabilidad, concordancia, *gold estándar*, tipos de concordancia según la clase de variable y las medidas de acuerdo para las variables categóricas.

A continuación, se describen elementos esenciales de la inferencia bayesiana tales como: la teoría de la decisión, el teorema de Bayes, las cadenas de Markov y el algoritmo de Markov Chain Monte Carlo, concluyendo con los tipos de distribución a priori y conjugadas.

Posteriormente, se realiza una comparación entre el método frecuentista y bayesiano, además se describen las principales aplicaciones informáticas de análisis bayesiano que utilizan como interfaz a R, al igual que se especifican los comandos principales utilizados para la implementación de la aplicación informática.

Finalmente se aborda una revisión del estado del arte en cuanto a estudios realizados sobre el uso de análisis de concordancia con muestras balanceadas y desequilibradas tanto en el método frecuentista como bayesiano aplicados en el área médica.

2.1 Estadística Frecuentista

Fue desarrollada en el primer tercio del siglo XX con la aparición de científicos como Ronald Fisher que desarrollaron técnicas para la formalización matemática que permitan la resolución de problemas de inferencia.

2.1.1 Distribuciones de probabilidad

Nace en función de la teoría de la probabilidad y son descritas a través de probabilidades acumuladas representadas mediante una función de densidad que simboliza el comportamiento teórico del fenómeno a ser analizado. En el caso de variables aleatorias discretas especificará todos los valores con la posibilidad de que cada uno ocurra y al tener datos continuos se utilizará subintervalos de valores.

Las distribuciones siguen diferentes modelos que corresponden a diferentes realidades a representar o predecir. En el caso de variables discretas se tiene modelos como: Uniforme, Bernoulli, binomial, geométrica, Poisson, binomial negativa, hipergeométrica, multinomial y otros.

En el caso de las variables continuas se encuentran: La exponencial, normal, uniforme, gamma, beta, T- student, chi cuadrado, Cauchy, Dirichlet y otros (Montiel, Ruiz, & Barón, 1997).

A continuación, se detallará los modelos que serán útiles dentro del presente estudio.

Distribución Normal (Canavos, 1988; Sheldon, 2007)

Es la más común en la mayoría de variables aleatorias continuas, llamada también distribución Gaussiana. Si X es una variable aleatoria se dice que sigue una distribución normal $X \sim N(\mu, \sigma)$ de media μ y desviación típica σ si su función de densidad es:

$$f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}} \quad (2.1)$$

donde:

$$-\infty < \mu < \infty \quad \sigma > 0 \quad -\infty < x < \infty$$

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = \mu \quad ; \quad \text{Var}[X] = \sigma^2$$

La distribución normal estándar $X \sim N(0,1)$ es aquella en la cual $\mu = 0$ y $\sigma = 1$, es simétrica y alcanza su valor máximo en $x = 0$, además es creciente para $x > 0$ y decreciente para $x < 0$ (véase la figura 2.1).

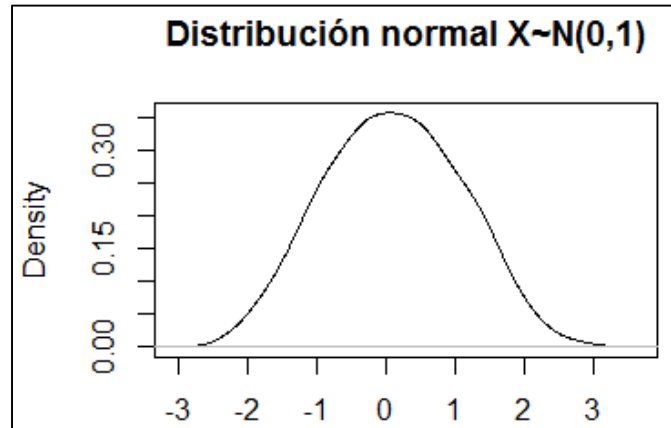


Figura 2 1: Función de densidad $X \sim N(0,1)$.

Propiedad. Dados $c, d \in \mathbb{R}$ y una variable aleatoria X tal que $X \sim N(\mu, \sigma)$, entonces $cX + d$ sigue una distribución normal.

$$cX + d \sim N(c\mu + d, |c|\sigma)$$

Propiedad. En la distribución normal estándar $X \sim N(0,1)$ por simetría se cumple.

$$F(x) = 1 - F(-x)$$

Propiedad. La suma de dos variables aleatorias independientes con distribución normal posee como resultado otra normal.

$$\begin{aligned} X &\sim N(\mu_1, \sigma_1) & Y &\sim N(\mu_2, \sigma_2) \\ X + Y &\sim N((\mu_1 + \mu_2), (\sigma_1^2 + \sigma_2^2)) \end{aligned}$$

El Teorema central del límite demuestra que la distribución normal es la periferia de algunas variables aleatorias, discretas y continuas.

Teorema central del límite. Al tener $X_1, X_2, X_3 \dots X_n$ variables aleatoriamente iid con media y varianza respectivamente μ, σ ; entonces:

$$\sum_{i=1}^n X_i \text{ se aproxima a } N(n\mu, \sigma\sqrt{n}) \quad \therefore \quad \sum_{i=1}^n \frac{X_i}{n} \text{ se aproxima a } N\left(\mu, \frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right)$$

Esta aproximación es posible si $n \geq 30$

Distribución uniforme. (Mood, Graybill, & Boes, 1913)

En el caso discreto, si se tiene una variable aleatoria X discreta que toma valores enteros $x_1, x_2, x_3 \dots x_n$ con la misma probabilidad en cada uno de ellos ($p = \frac{1}{n}$) su función de densidad es:

$$f(x) = \frac{1}{n} \text{ si } x = x_i \quad (2.2)$$

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = \sum_{i=1}^n \frac{X_i}{n} ; \quad \text{Var}[X] = \sum_{i=1}^n \frac{(X_i - \mathbb{E}(X))^2}{n}$$

En la distribución uniforme $X \sim U(a, b)$ de variables continuas, su función de densidad cuando X toma valores con la misma probabilidad entre los intervalos a y b es:

$$f(x) = \frac{1}{b-a} \text{ si } x \in (a, b) \quad (2.3)$$

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = \frac{a+b}{2} ; \quad \text{Var}[X] = \frac{(b-a)^2}{12}$$

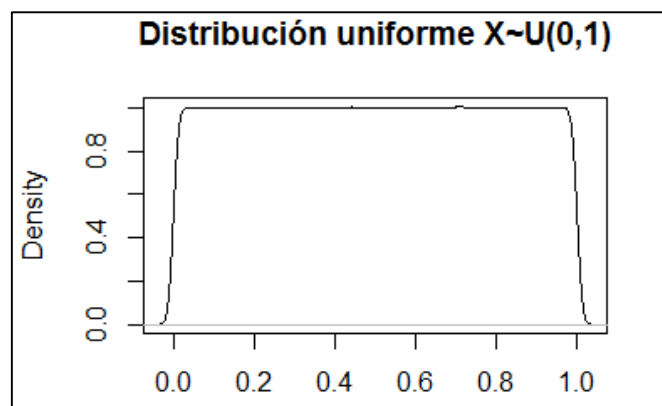


Figura 2 2: Función de densidad $X \sim U(0,1)$.

Distribución de Bernoulli (Mood et al., 1913)

Una variable aleatoria X sigue una distribución de Bernoulli $X \sim Ber(p)$ cuando representa un experimento en el cual se tiene dos resultados mutuamente excluyentes con una probabilidad de éxito p y fracaso $(1-p) = q$. Toma valor $x = 1$ si ocurre y $x = 0$ en caso contrario; su función de masa es:

$$f(x) = p^x(1-p)^{1-x} \quad (2.4)$$

donde:

$$0 \leq p \leq 1 \quad x = 0,1$$

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = p ; \quad \text{Var}[X] = p(1-p)$$

Distribución Binomial. (Montiel et al., 1997)

Una variable aleatoria $X = X_1 + X_2 + \dots + X_n$ sigue una distribución binomial $X \sim B(n, p)$ si describe $n \in \mathbb{N}$ distribuciones de Bernoulli independientes $X_i \sim Ber(p)$ con $p \in (0,1)$ y constante de un experimento a otro. Su función de masa está representada por:

$$f(x) = \binom{n}{x} p^x(1-p)^{n-x} \quad (2.5)$$

donde:

- x = número de éxitos resultantes.
- Es simétrica si $p = q$, con $p < q$ tiene asimetría negativa y $p > q$ asimetría positiva.
- Si $n \rightarrow \infty$ es simétrica y tiende a ser una distribución normal.

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = np \quad ; \quad \text{Var}[X] = np(1-p)$$

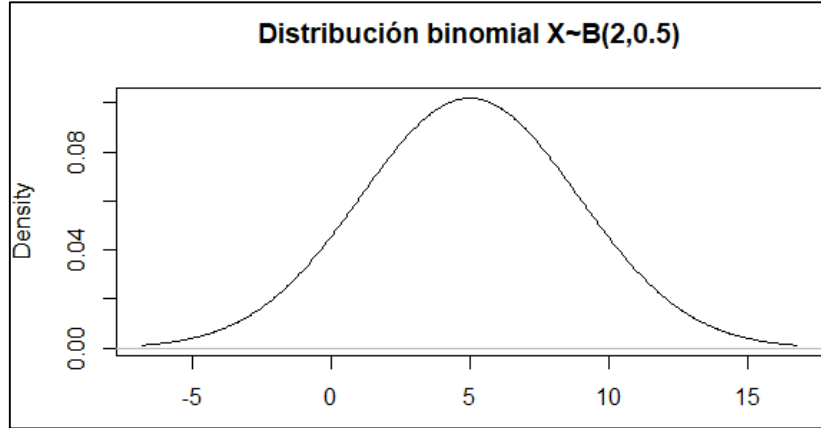


Figura 2 3: Función de masa $X \sim B(2, 0.5)$.

Propiedad. Las distribuciones binomiales son reproductivas, demostrando que es una suma de distribuciones Bernoulli.

$$X \sim B(n_1, p) \quad Y \sim B(n_2, p)$$

$$X + Y \sim B((n_1 + n_2), p)$$

Distribución Multinomial. (Sheldon, 2007)

Es una generalización de la distribución binomial con variable aleatoria $X = x_1, x_2, \dots, x_k$ multinomial que posee k posibles sucesos excluyentes S_1, S_2, \dots, S_k con su probabilidad respectiva p_1, p_2, \dots, p_k , en donde:

$$P(S_1) = p_1, \quad P(S_2) = p_2, \dots, P(S_k) = p_k \quad \therefore \quad \sum_{i=1}^k P(S_i) = 1$$

Repetiendo el experimento n veces en condiciones independientes en donde la probabilidad de que el suceso S_1, \dots, S_k suceda R_1, \dots, R_k veces sucesivamente de tal manera que forme una partición del espacio muestral Ω se le denomina distribución multinomial, en la cual su función de masa está descrita por:

$$f(x_1, x_2, \dots, x_k) = P[(S_1 = R_1) \cap (S_1 = R_2) \cap \dots \cap (S_k = R_k)] = \frac{n!}{x_1! x_2! \dots x_k!} p_1^{x_1} p_2^{x_2} \dots p_k^{x_k} \quad (2.6)$$

donde:

- $\sum_{i=1}^k R_i = n$
- Con $k=2$ se reduce a una distribución binomial.

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = \begin{pmatrix} np_1 \\ np_2 \\ \vdots \\ np_k \end{pmatrix} \quad ; \quad \text{Var}[X_{ii}] = np_i q_i \quad ; \quad \text{Var}[X_{ij}] = np_j q_j \quad ; \quad i \neq j$$

Distribución de Poisson (Montiel et al., 1997; Sheldon, 2007)

Es un caso particular de la distribución binomial aplicable a sucesos que ocurren en cierto periodo de tiempo con probabilidad muy baja (ley de los sucesos raros). Una variable aleatoria X sigue una distribución de Poisson $X \sim Poi(\lambda)$ con $\lambda > 0$ y $\lambda = np$ si su función de masa es:

$$f(x) = e^{-\lambda} \frac{\lambda^x}{x!} \quad (2.7)$$

donde:

- x es el número propuesto de ocurrencias del evento.
- λ es el número de veces que se espera que ocurra el evento durante un intervalo dado.

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = \lambda \quad \text{Var}[X] = \lambda$$

La distribución presenta una ligera asimetría positiva y cuando $n \rightarrow \infty$ se aproxima a una distribución normal.

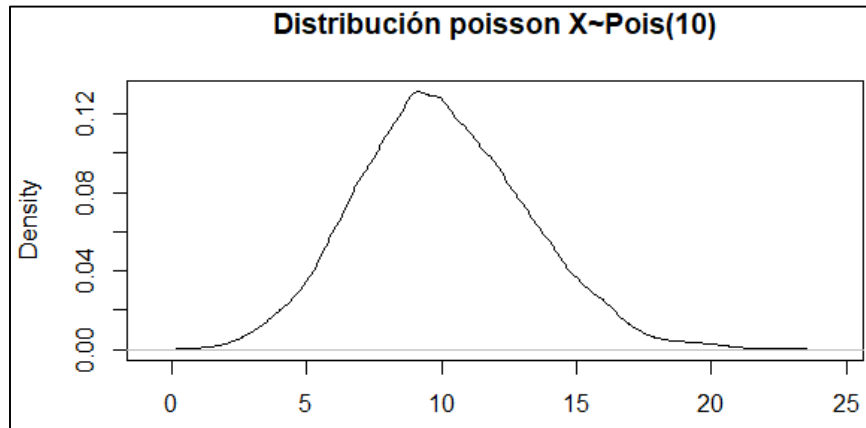


Figura 2 4: Función de masa $X \sim \text{Pois}(10)$.

Propiedad. Las distribuciones de poisson son reproductivas.

$$X \sim \text{Pois}(\lambda_1) \quad Y \sim \text{Pois}(\lambda_2)$$

$$X + Y \sim \text{Pois}(\lambda_1 + \lambda_2)$$

Distribución Beta (Canavos, 1988)

Se utiliza para variables continuas en casos donde los valores se encuentran restringidos en un intervalo de longitud finita $(0,1)$, siendo una de las más utilizadas dentro de la inferencia bayesiana como distribución a priori debido a su buen ajuste a gran variedad de distribuciones empíricas.

Una variable aleatoria X sigue una distribución beta $X \sim \text{Beta}(\alpha, \beta)$ si su función de densidad es:

$$f(x) = \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1} \quad (2.8)$$

donde:

- Γ es la función gamma.
- $0 < x < 1$; $\alpha, \beta > 0$.
- α y β son parámetros de perfil.
- Es simétrica si $\alpha = \beta$, con $\alpha < \beta$ tiene asimetría positiva y $\alpha > \beta$ asimetría negativa.
- Si $\alpha = \beta = 1$ entonces $X \sim U(0,1)$.

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = \frac{\alpha}{\alpha + \beta} \quad \text{Var}[X] = \frac{\alpha\beta}{(\alpha + \beta)^2(\alpha + \beta + 1)}$$

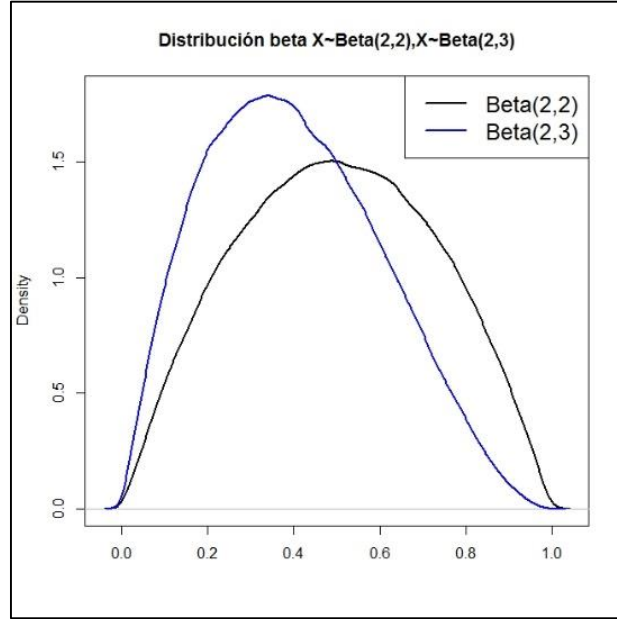


Figura 2 5: Función de densidad $X \sim \text{Beta}(2,2)$ y $X \sim \text{Beta}(2,3)$.

Distribución Dirichlet

Se utiliza comúnmente en la inferencia bayesiana como priori para representar en forma de distribución de probabilidad la incertidumbre en resultados de distribuciones categóricas y multinomiales. La distribución Dirichlet $X \sim \text{Dir}(\alpha)$ es la generalización multivariante de la distribución beta ($k = 2$) y de una familia multivariante continua. (Monleón - Getino, 2018) Si $X = (x_1, x_2, x_3, \dots, x_k)^T$ es un vector de variable aleatoria que sigue $X \sim \text{Dir}(\alpha)$ su función de densidad es:

$$f(X, \alpha) = \frac{1}{\text{Beta}(\alpha)} \prod_{i=1}^k x_i^{\alpha_i - 1} \quad \text{Beta}(\alpha) = \frac{\prod_{i=1}^k \Gamma(\alpha_i)}{\Gamma(\sum_{i=1}^k \alpha_i)}$$

$$f(X, \alpha) = \frac{\Gamma(\sum_{i=1}^k \alpha_i)}{\prod_{i=1}^k \Gamma(\alpha_i)} \prod_{i=1}^k x_i^{\alpha_i - 1} \quad (2.9)$$

donde:

- $x_1, x_2, x_3, \dots, x_k > 0$; $\sum_{i=1}^k x_i = 1$ para todo $i \in [1, k]$
- Probabilidad de cada categoría = $\frac{\alpha_i}{\sum_{i=1}^k \alpha_i}$; k = número de categorías.
- $\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3, \dots, \alpha_k > 0$

La $X \sim \text{Dir}(\alpha)$ es una distribución de probabilidades simplex, en la cual podemos movernos libremente gracias a la constante de normalización que permite convertir su frecuencia. Cuanto más alta sea dicha constante más cercana serán las muestras a la media y a su vez al ser más bajo se alejará, incluso talvez podrá voltear a una esquina del simplex. Esta lógica es exactamente igual si se analiza el valor de α en varias condiciones como se observa en la gráfica siguiente, adicionando que en $\alpha = 1$ se convierte en una $X \sim U(0,1)$ (Phan, 2018).

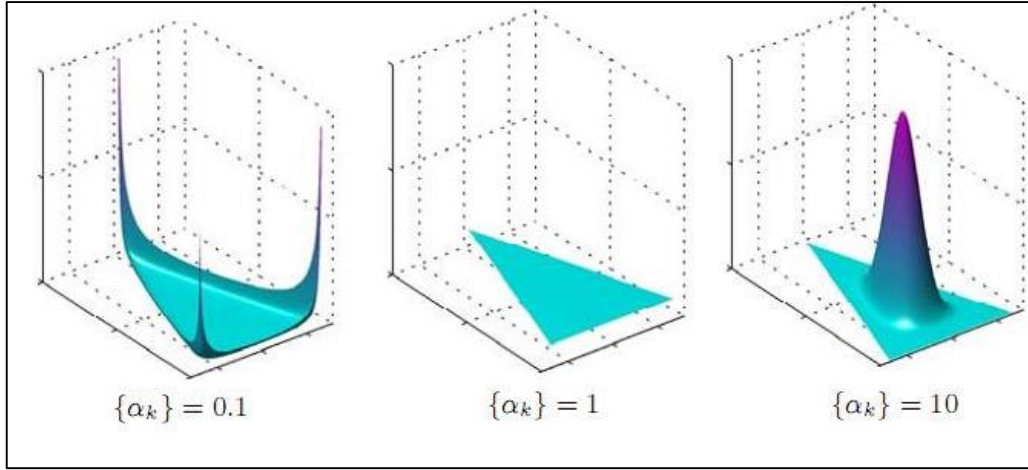


Figura 2 6: Función de densidad $X \sim \text{Dir}(0.1)$, $X \sim \text{Dir}(1)$ y $X \sim \text{Dir}(10)$ (King, 2013).

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = \frac{\alpha_i}{\sum_{i=1}^k \alpha_i} \quad \text{Var} [X] = \frac{\alpha_i (\sum_{i=1}^k \alpha_i - \alpha_i)}{(\sum_{i=1}^k \alpha_i)^2 (\sum_{i=1}^k \alpha_i + 1)}$$

Distribución Gamma (Canavos, 1988)

Es ampliamente utilizada para modelar variables continuas positivas, especialmente en estudios de tiempo de vida en elementos físicos. Una variable aleatoria X sigue una distribución gama $X \sim G(\alpha, \theta)$ si su función de densidad es:

$$f(x) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)\theta^\alpha} x^{\alpha-1} \exp\left(-\frac{x}{\theta}\right) \quad (2.10)$$

donde:

- $x > 0$; $\alpha, \theta > 0$
- α y θ son parámetros de forma y escala respectivamente. θ permite estirar o comprimir el rango de la distribución.
- $X \sim G(\alpha, 1)$ se conoce como distribución gama estándar.
- $\Gamma(\alpha) = \int_0^\infty u^{\alpha-1} \exp(-u) du$; $u = \frac{x}{\theta}$

La distribución gama representa una gran variedad de distribuciones dependiendo del valor de α colocado.

Por ejemplo, cuando $X \sim G(\alpha, \theta)$ con $\alpha < 1$ tiene una forma exponencial, si $\alpha > 1$ asume una forma unimodal y su asimetría se reduce a medida que aumenta α . En el caso de $\alpha = 1$ es exactamente igual a la exponencial con parámetro θ . La relación con la distribución de poisson se da a través de $\lambda = \frac{1}{\theta}$.

Sus dos primeros momentos son:

$$\mathbb{E}[X] = \alpha\theta \quad \text{Var} [X] = \alpha\theta^2$$

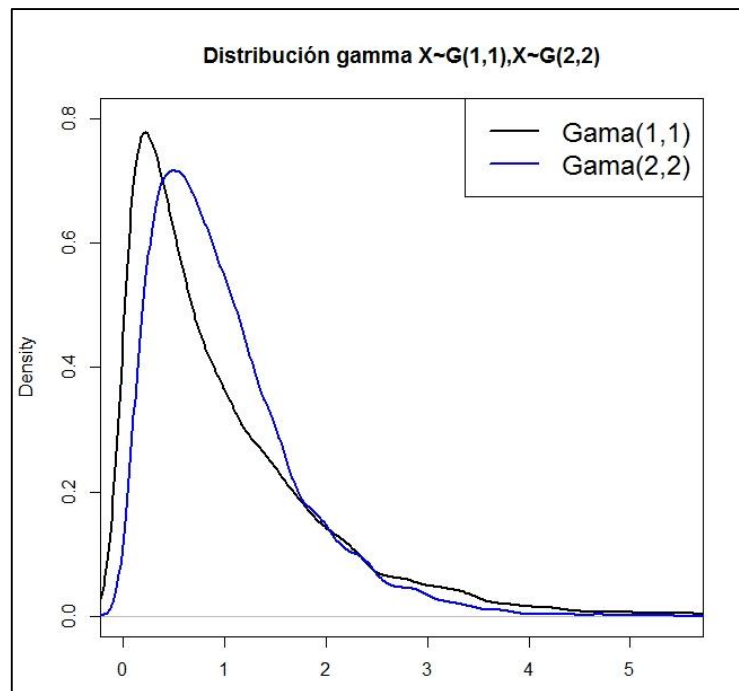


Figura 2 7: Función de densidad $X \sim G(1,1)$ y $X \sim G(2,2)$.

2.1.2 Concordancia

La palabra concordancia procede de la expresión latina *concordare*, cuyo significado hace referencia a que hay correspondencia o conformidad de una cosa con otra (Tf & Rubio, 2010).

2.1.3 Gold estándar o patrón de referencia (GS)

Es aquella prueba considerada como la mejor alternativa debido a su máxima certeza, la cual ha sido validada a través de diferentes métodos que han permitido conseguir el mínimo sesgo posible en cuanto a especificidad, sensibilidad y valores predictivos. El GS permite determinar el rendimiento de cualquier prueba alterna basado en su comparación (Salech, Mery, Larrondo, & Rada, 2008).

2.1.4 Tipos de concordancia según la clase de variable

En el área estadística se realizan dos tipos de análisis concordancia:

a. Análisis de concordancia para variables categóricas

Este tipo de análisis trabaja con variables de tipo dicotómicas o politómicas (de acuerdo al número de categorías), o a su vez en escalas nominal, ordinal y por intervalos (según la escala de medida). En este caso se utiliza tradicionalmente el índice kappa que se define como la diferencia normalizada entre la tasa de acuerdo observada y la tasa de acuerdo que se esperaría puramente por casualidad (Kwiecien, Koop, & Blettner, 2011).

Landis y Koch propusieron una tabla valorativa de la concordancia en función del índice kappa (véase la tabla 2.1).

Kappa	Grado de acuerdo
< 0	Sin acuerdo
(0 – 0.2]	Insignificante
(0.2 – 0.4]	Bajo
(0.4 – 0.6]	Moderado
(0.6 – 0.8]	Bueno
(0.8 – 1]	Muy bueno

Tabla 2 1: Interpretación de los valores del índice kappa según el rango de valores.

b. *Análisis de concordancia para variables continuas*

Se utiliza cuando la acción o fenómeno a ser analizado es de tipo numérico continuo o discreto. Se utiliza aproximaciones como el coeficiente de Pearson que es una medida lineal entre dos variables, el coeficiente de correlación intraclass que evalúa la concordancia general entre dos o más métodos de medida u observación y el coeficiente de Lin que evalúa la reproducibilidad de las mediciones (Tf & Rubio, 2010).

2.1.5 Medidas de acuerdo para variables categóricas

El nivel de acuerdo entre dos o más observadores al momento de clasificar dos o más categorías mutuamente excluyentes (no pueden suceder simultáneamente) se representa a través de una tabla de frecuencias llamada también matriz de confusión. La tabla 2.2 ilustra el caso de dos observadores. Las columnas y las filas representan el número de predicciones de cada categoría, correspondientes a cada observador.

		OBSERVADOR 1		
		POSITIVO	NEGATIVO	TOTAL
OBSERVADOR 2	POSITIVO	f_{11}	f_{10}	F_{1T}
	NEGATIVO	f_{01}	f_{00}	F_{0T}
	TOTAL	f_{1T}	f_{0T}	N

Tabla 2 2: Tabla de frecuencias - variables dicotómicas.

Utilizando la nomenclatura de la tabla 2.2 tenemos las siguientes medidas de acuerdo para el caso dicotómico:

- Error de clasificación o error promedio. – Proporción de casos mal clasificados.

$$\frac{f_{10} + f_{01}}{N} \quad (2.11)$$

- Positivo - verdadero o sensibilidad. - Proporción de casos positivos bien clasificados.

$$\frac{f_{11}}{f_{11} + f_{01}} \quad (2.12)$$

- Negativo - verdadero o especificidad. – Proporción de casos negativos bien clasificados.

$$\frac{f_{00}}{f_{00} + f_{10}} \quad (2.13)$$

- Falso – positivo. – Proporción de casos positivos mal clasificados (error Tipo I)

$$\frac{f_{10}}{f_{10} + f_{00}} = 1 - \text{especificidad} \quad (2.14)$$

- Falso – negativo. – Proporción de casos negativos mal clasificados (error Tipo II).

$$\frac{f_{01}}{f_{01} + f_{11}} \quad (2.15)$$

- Exactitud (Accuracy). - Nos indica el grado de reproductibilidad de las respuestas entre observadores.

$$\frac{f_{11} + f_{00}}{N} \quad (2.16)$$

- Coeficiente Cohen Kappa

$$k = \frac{Po - Pe}{1 - Pe} \quad (2.17)$$

donde:

Po = Proporción de concordancia observado

$$Po = \frac{f_{11} + f_{00}}{N}$$

Pe = Proporción de concordancia esperada por puro azar.

$$Pe = \left(\frac{F_{1T}}{N}\right) * \left(\frac{f_{1T}}{N}\right) + \left(\frac{F_{0T}}{N}\right) * \left(\frac{f_{0T}}{N}\right) = \frac{F_{1T} * f_{1T} + F_{0T} * f_{0T}}{N^2}$$

- Intervalo de confianza del coeficiente kappa.

$$CI = k \pm z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{Po(1 - Po)}{N(1 - Pe)^2}} \quad (2.18)$$

- Test de Mc Nemar

$$z^2 = \frac{d^2}{Var(d)} = \frac{(f_{10} - f_{01})^2}{f_{10} + f_{01}} \quad (2.19)$$

Es importante recalcar que las proporciones de casos mal clasificados pueden darse por tres motivos:

- Variabilidad en los observadores.
- Variabilidad en el instrumento de medida.
- Variabilidad por realizar la medición en diferentes tiempos (Kwiecien et al., 2011).

2.2 Inferencia bayesiana

En busca de una alternativa al método frecuentista que permita la deducción de las técnicas propuestas por Fisher y sus colegas se desarrollaron axiomas conocidos como la teoría de la decisión (relacionados directamente con la teoría de la probabilidad, convirtiéndose en la base de la inferencia bayesiana (Stauffer, 2008).

2.2.1 Teoría de la decisión

Para el ser humano siempre ha sido de interés estudiar el proceso de toma de decisiones. (Mendoza & Gutiérrez, 2010) Una decisión puede ser tomada de dos formas diferentes: la primera es una forma descriptiva que únicamente consiste en escoger una opción por intuición, mientras que la segunda es de una manera sistemática en la cual inicialmente se analiza cómo debería tomarse las decisiones de tal manera que satisfagan algunos criterios establecidos.

Analizando la decisión sistemática partimos de un problema del cual su solución engloba un conjunto de decisiones (\mathbb{D}). Cada una asociada a un conjunto de eventos inciertos relevantes (\mathbb{E}), cada evento posee una consecuencia (\mathbb{C}) que gracias a una relación de orden ($>$) nos permite tomar una decisión con certeza (Véase la Figura 2.8).

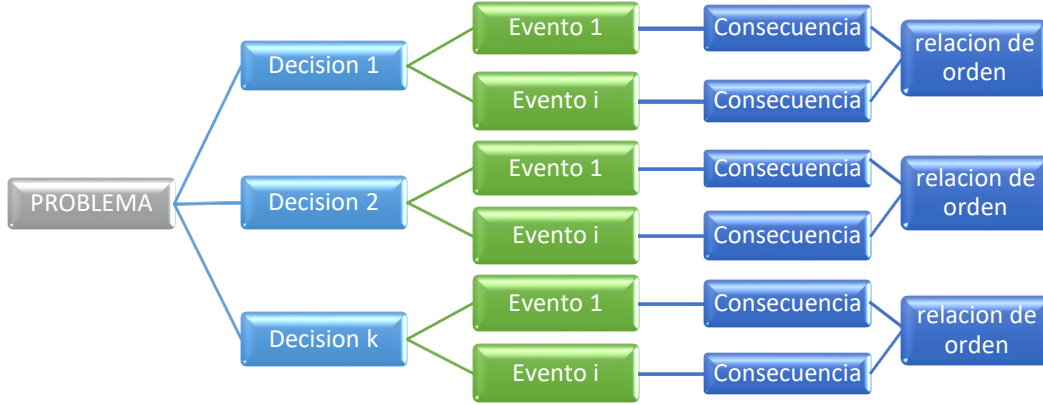


Figura 2 8: Árbol de decisión.

A todo este proceso lo llamamos “Problema de decisión en ambiente de incertidumbre” con:

- $\mathbb{D} = \{D1, D2 \dots Dk\}$ conjunto de posibles soluciones.
- $E_k = \{E_{k1}, E_{k2} \dots E_{ki}\} \subset \mathbb{E}$ conjunto de eventos inciertos relevantes.
- \mathbb{C} conjunto de consecuencias. Por lo tanto, a cada evento incierto relevante E_{ki} le corresponde una consecuencia $C_{ki} \in \mathbb{C}$.
- \preceq es una relación de orden en \mathbb{C} que dadas dos consecuencias determina cuál es la más adecuada (Diluvi, 2018).

El evento seguro se representa por Ω y encuentra particionado en E_i , por lo tanto:

$$\bigcup_k E_k = \Omega$$

El pilar fundamental del análisis bayesiano se encuentra en los axiomas de coherencia, que son postulados básicos de la Teoría de la Decisión, detallados a continuación de forma análoga como lo hace Mendoza y Regueiro (Mendoza & Regueiro, 2011).

1. Comparabilidad: Dados cualesquiera $D_i, D_j \in \mathbb{D}$, debe suceder una y solo una de las siguientes opciones:

- $D_i > D_j$ (Se prefiere D_i a D_j).
- $D_j > D_i$ (Se prefiere D_j a D_i).
- $D_i \sim D_j$ (D_i y D_j ambas son preferibles).
- Las mismas relaciones se dan con $C_i, C_j \in \mathbb{C}$.

2. Transitividad: Dados $D_i, D_j, D_k \in \mathbb{D}$, si $D_i \preceq D_j$ y $D_j \preceq D_k$ entonces debe ocurrir que $D_i \preceq D_k$. Las mismas relaciones para $E_i, E_j, E_k \in \mathbb{E}$.

3. Sustituibilidad: Si $D_i, D_j \in \mathbb{D}$ son opciones y $E \in \mathbb{E}$ es un evento incierto tal que $D_i > D_j$ si ocurre E y $D_i > D_j$ si ocurre E^c , entonces $D_i > D_j$. Análogamente si $D_i \sim D_j$ cuando ocurre E y también cuando ocurre E^c entonces $D_i \sim D_j$.

4. Eventos de referencia: Independientemente de los eventos relevantes, al imaginar la toma de decisiones como un procedimiento para generar puntos en el cuadrado unitario I de manera que exista dos regiones R_1 y $R_2 \in I$, el evento $A_1 = \{z \in R_1\}$ es más creíble que el evento $A_2 = \{z \in R_2\}$ sí y solo si el área de $R_1 > R_2$.

Los dos primeros axiomas estructuran los conjuntos de consecuencias y opciones, el tercero da coherencia a la toma de decisiones y el último concibe la idea de una distribución uniforme en el cuadrado unitario de \mathbb{R}^2 .

Por lo tanto, con estas bases podemos decir que al tener un problema de decisión $(\mathbb{D}, \mathbb{E}, \mathbb{C}, >)$, se le asigna una distribución de probabilidad $p(\cdot)$ sobre \mathbb{E} , en donde el objetivo es trabajar sobre las consecuencias en forma de función de utilidad $u(D, C)$ o $u(D, E)$ con $D \in \mathbb{D}$, $E \in \mathbb{E}$ y $C \in \mathbb{C}$ (De igual manera podría trabajarse con una función de pérdida).

Función de utilidad (u) y pérdida (p).

$$\mathbb{E}[u(D_i)] = \sum_{E \in \mathbb{E}_i} u(D_i, E)P(E) \quad \mathbb{E}[p(D_i)] = \sum_{E \in \mathbb{E}_i} p(D_i, E)P(E) \quad (2.20)$$

donde:

$P(\mathbb{E})$ es la probabilidad subjetiva que se asigna al evento incierto relevante.

La solución (d^*) a un problema de utilidad será la maximización de la función y su minimización en el caso de pérdida (Carlin & Louis, 2009).

$$d^* = \arg \max_{D \in \mathbb{D}} \mathbb{E}[u(D)] \quad d^* = \arg \min_{D \in \mathbb{D}} \mathbb{E}[p(D)] \quad (2.21)$$

2.2.2 Teorema de Bayes (Koch, 1990; Press, 1989)

En la teoría de la probabilidad Thomas Bayes plantea un teorema que cumple los supuestos de los sucesos disjuntos y exhaustivos, presentando la probabilidad de un evento aleatorio $X = x_1, x_2, \dots, x_n$ mutuamente excluyente dado Y en términos de la probabilidad condicional del evento Y dado X y la distribución marginal de X . A continuación, se presenta su deducción.

$$\text{Se conoce:} \quad P(X|Y) = \frac{P(X \cap Y)}{P(Y)} \quad P(Y|X) = \frac{P(Y \cap X)}{P(X)}$$

$$P(X \cap Y) = P(Y \cap X)$$

Por lo tanto:

$$P(X|Y).P(Y) = P(Y|X).P(X)$$

Siendo el teorema de Bayes:

$$P(X|Y) = \frac{P(Y|X)P(X)}{P(Y)} \quad (2.22)$$

donde:

- $P(Y|X)$ es la verosimilitud del evento Y dado X , también llamada probabilidad condicional.
- $P(X)$ es la probabilidad de los sucesos condicionados, también llamada probabilidad a priori.
- $P(Y)$ es la probabilidad total (se conoce todas las probabilidades), también puede ser representada por: $\int_{\mathbb{X}} P(X) \mathcal{L}(X|Y) dx$.
- En la inferencia bayesiana $P(X|Y)$ es denominada probabilidad a posteriori $\pi(X|Y)$

Con estas premisas podemos decir:

$$\text{Probabilidad a posteriori} \propto \text{Verosimilitud} * \text{Probabilidad a priori}$$

El Teorema de Bayes posee una controversia, debido a que la estadística frecuentista solo admite probabilidades basadas en experimentos repetibles con confirmación empírica, mientras que para el análisis bayesiano la probabilidad es subjetiva debido a la información adicional que se posee del suceso.

La figura 2.9 permite describir de forma gráfica el Teorema de Bayes.

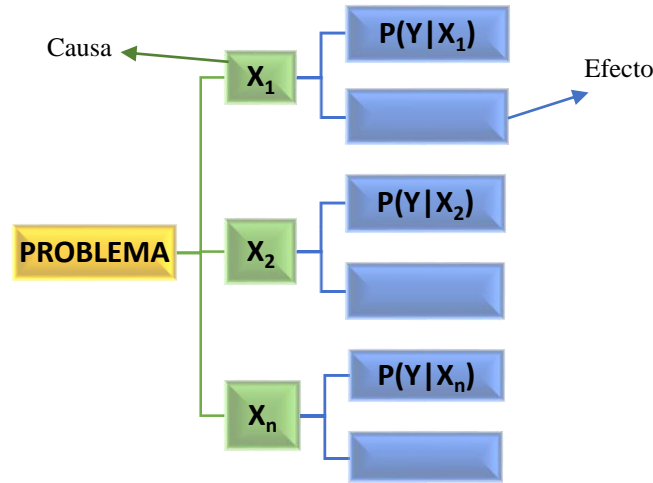


Figura 2.9: Ejemplificación del Teorema de Bayes con múltiples probabilidades.

En el caso presentado, los sucesos en $X = x_1, x_2, \dots, x_n$ son disjuntos pero unidos forman el espacio muestral Ω . Por lo tanto la probabilidad del suceso Y se calcula con la fórmula de probabilidad total y el teorema de Bayes queda expresado de la siguiente forma:

$$P(x_k|Y) = \frac{P(Y|x_k)P(x_k)}{\sum_{i=1}^k P(x_i)P(Y|x_i)} \quad (2.23)$$

donde: $k = 1, 2, 3 \dots n$

2.2.3 Cadenas de Markov y algoritmo de Markov Chain Monte Carlo (MCMC)

Cadenas de Markov

Sea una sucesión temporal de observaciones $X = (x_1, x_2, x_3 \dots x_n)$ aleatorias. Se denomina proceso estocástico (\sim) si todos sus valores no se predicen exactamente, pero se puede especificar el valor de las probabilidades de cada uno en cualquier instante de tiempo. Se define x_1 como estado inicial y x_n como estado del proceso en el tiempo n .

Esta premisa es de vital importancia debido a que la cadena de Markov es un proceso estocástico discreto en el cual la probabilidad de un evento posterior depende del suceso inmediatamente anterior. Esto se debe a que las cadenas tienen memoria corta que permiten condicionar las probabilidades futuras. Por lo tanto, la propiedad de Markov dicta:

$$P(x_{n+1} = x_{n+1} | x_n = x_n, x_{n-1} = x_{n-1} \dots x_2 = x_2, x_1 = x_1) \\ P(x_{n+1} = x_{n+1} | x_n = x_n) \quad (2.24)$$

El estado inicial o núcleo de transición viene definido por:

$$P(x_{n+1} = x_2 | x_n = x_1) \quad (2.25)$$

La convergencia de la cadena de Markov a su distribución estacionaria se da cuando: (Hillier & Liberman, 2015)

$$\lim_{n \rightarrow \infty} P(x_n = x | x_0 = x_0) = \pi(x)$$

Método de Markov Chain Monte Carlo (MCMC)

Monte Carlo es un método no determinista o estadístico numérico usado para aproximar expresiones matemáticas complejas y costosas de evaluar. Su objetivo es realizar una serie de repeticiones de n puntos del espacio M-dimensional a través de un generador de números aleatorios reconociendo el comportamiento del sistema (Martínez, Castañón, Pola, & Sánchez, 2018).

El método MCMC nos permite resolver una multitud de problemas ya sea de optimización, minimización entre otras, fusionando el método de Montecarlo con las cadenas de Markov. A pesar de no ser un método netamente de la inferencia bayesiana es muy utilizado en el área computacional, ya que permite generar muestras y estimar cantidades o parámetros de interés de la distribución a posteriori.

Algoritmo Metrópolis Hastings (MH)

Simula una cadena de Markov con valor inicial θ_0 y distribución estacionaria $\pi(\theta|x)$, su proceso es el siguiente:

1. Inicia con θ_0 .
2. Dado el valor actual θ_t simular un valor candidato $\tilde{\theta}$ de una densidad propuesta $q(\tilde{\theta}|\theta_t)$.
3. Calcular el radio de aceptación.

$$\alpha = \min 1, \frac{\pi(\tilde{\theta}|x)q(\theta_t|\tilde{\theta})}{\pi(\theta_t|x)q(\tilde{\theta}|\theta_t)} \quad (2.26)$$

4. Simular u de una distribución *Unif* (0,1).
5. Si $u < \alpha$, se tomar $\theta_{t+1} = \tilde{\theta}$. Sino, rechazar y tomar $\theta_{t+1} = \theta_t$.
6. Volver a 1.

Muestreo de Gibbs

Es un caso particular del algoritmo MH en el cual las densidades propuestas coinciden con las distribuciones a posteriori con la probabilidad de aceptación de 1.

Con el conjunto de parámetros $\theta = (\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_k)$ la distribución a posteriori condicional $\pi(\theta_i | \theta_1, \dots, \theta_{i-1}, \theta_{i+1}, \dots, \theta_k)$ viene dada por el proceso:

1. Fijar el valor inicial $(\theta_{1,0}, \theta_{2,0} \dots \dots \theta_{k,0})$.
2. Simular $\theta_{1,t+1} \sim \pi(\theta_1 | \theta_{2,t}, \theta_{3,t} \dots \dots \theta_{k,t})$.
3. Simular $\theta_{2,t+1} \sim \pi(\theta_2 | \theta_{1,t+1}, \theta_{3,t} \dots \dots \theta_{k,t})$.
4. Simular $\theta_{3,t+1} \sim \pi(\theta_3 | \theta_{1,t+1}, \theta_{2,t+1}, \theta_{4,t} \dots \dots \theta_{k,t})$.
5. \vdots
6. Simular $\theta_{k,t+1} \sim \pi(\theta_k | \theta_{1,t+1}, \theta_{2,t+1} \dots \dots \theta_{k-1,t+1})$.
7. Repetir desde el paso 2 un número elevado de iteraciones con el fin de aproximarse a la estacionaria.

En muchos casos los primeros valores son eliminados (fase de *burn-in* o calentamiento) ya que tienen una probabilidad posterior baja como resultado del inicio del algoritmo y por lo tanto no se encuentran en proceso estacionario.

En caso de distribuciones más complejas de simulación se mezcla con el método de Monte Carlo de aceptación – rechazo (ARS-ARMS) (Stauffer, 2008).

La Figura 2.10 representa un algoritmo MCMC bidimensional.

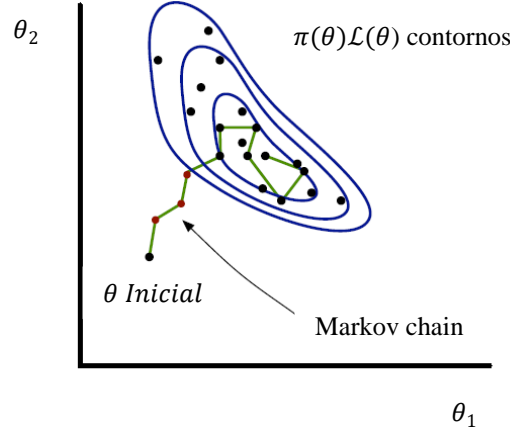


Figura 2 10: Algoritmo MCMC bidimensional. (Ford, 2015)

Diagnóstico de convergencia MCMC

Dos o más cadenas con diferentes valores iniciales necesitan de algunos criterios de decisión que permitan definir su convergencia al valor estimado, evitando así la probabilidad que el muestreo quede atrapado en una pequeña parte del espacio muestral. Comúnmente se utiliza los factores de reducción de escala de Gelman Rubin que compara variaciones dentro y entre las cadenas.

Para medir la variabilidad de las muestras $\theta_{k,t}$ dentro de la k -ésima cadena $k = (1, 2 \dots K)$ se define:

$$V_j = \sum_{t=s+1}^{s+T} \frac{(\theta_{k,t} - \bar{\theta}_k)^2}{T-1}$$

donde:

- s = espacio de estado discreto.
- T = iteraciones después de un estado inicial.
- $s + 1$ a $s + T$ es el numero de iteraciones en el cual se evalúa la convergencia.

La varianza de la cadena se mide a través de:

$$V_B = \frac{T}{K-1} \sum_{k=1}^K (\bar{\theta}_k - \bar{\theta})^2$$

donde:

- $\bar{\theta}$ es el promedio de $\bar{\theta}_k$.

El factor de reducción de escala (SRF) compara la $Var(\theta)$ dada por:

$$V_p = \frac{V_B}{T} + \frac{T V_w}{T-1}$$

donde:

- La variabilidad dentro de la cadena V_w = promedio de V_j entre V_B .

(2.27)

$$SRF = \left(\frac{V_p}{V_w} \right)^{0.5} \quad \text{si } SRF < 1.2 \text{ indica convergencia}$$

Otro criterio de decisión es la gráfica de las funciones de autocorrelación de los valores generados θ_t , mismo que deberán ser correlacionados positivamente. Altas correlaciones pueden significar una convergencia lenta, por lo tanto, debe considerarse un *thinning* de los datos seleccionando solo uno en cada retardo r con el fin de que la muestra sea incorrelada.

La gráfica de los estados de la cadena θ_t frente a t es un criterio de decisión que permite observar la estacionariedad (Congdon, 2005).

2.2.4 Tipos de distribución a priori y familias conjugadas

Según la información del parámetro tenemos los siguientes tipos de distribución a priori:

- Informativa. – Incorpora información procedente de análisis previos o información de expertos.
- No informativa. – Representa una carencia de información previa y se construye a base de consideraciones subjetivas del parámetro, en donde su determinación se realiza a través de una mezcla de experiencia y conveniencia utilizando distribuciones que no favorezcan ningún valor del parámetro frente a los demás.
- Estructural. – Incorpora información sobre relaciones entre parámetros (Monleón & Crespo, 2017).

Determinación subjetiva de la distribución a priori

Las probabilidades subjetivas no suelen generar problemas en el caso discreto, mientras que las dificultades operacionales en variables continuas generan una gran barrera. La manera más operativa de resolver este inconveniente es fijando una forma funcional de la priori obligándole a pertenecer a una cierta familia de distribuciones.

Si se tiene un espacio paramétrico Ω multidimensional es conveniente determinar las distribuciones priori marginales por separado suponiendo independencia de las componentes del vector paramétrico. En caso contrario se determina las marginales y se las condiciona con el fin de trabajar siempre con variables aleatorias reales.

Familias Conjugadas

El cálculo de la distribución posteriori $P(X|Y)$ a partir de una priori $P(X)$ implica muchas aproximaciones numéricas. Por lo cual, con el fin de conseguir resultados lógicos e interpretables es importante trabajar con las distribuciones conjugadas que cumplen con la siguiente propiedad y teorema:

Propiedad. Una familia \mathcal{P} de distribuciones a prior sobre X se dice conjugada para el muestreo si, para cualquier a priori en \mathcal{P} , la correspondiente a posteriori también pertenece a \mathcal{P} .

Teorema. Sea \mathcal{F} la familia de distribuciones que constituye nuestro modelo para un problema de estimación, cuando $X \in \Omega$. Entonces, un estadístico T es suficiente para \mathcal{F} , si y solo si para cualquier priori $P(X)$ el posteriori $\pi(X|Y)$ coincide con $\pi(X|T(Y))$, para todo resultado Y con marginal $m(Y) > 0$ (Cristóbal, 2000).

La tabla 2.3 presenta las mixturas de familias conjugadas de mayor uso:

Priori	Verosimilitud	Posteriori	Parámetro de prior N.I.
Beta	Bernoulli	Beta	$\alpha = \frac{1}{2}, \beta = \frac{1}{2}$
Dirichlet	Multinomial	Dirichlet	$\alpha_i = \frac{1}{2}; (i = 1 \dots m)$
Multinomial	Dirichlet	Beta	$\alpha = \frac{1}{2}, \beta = \frac{1}{2}$
Gamma	Poisson	Gamma	$a = 0; p = \frac{1}{2}$
Normal	Normal	Normal	$\sigma_0 \rightarrow \infty$
Gamma	Normal	Gamma	$a = 0; p = 0$
Beta	Binomial	Beta	$\alpha = \frac{1}{2}, \beta = \frac{1}{2}$
Binomial	Binomial	Beta	$\alpha = \frac{1}{2}, \beta = \frac{1}{2}$

Tabla 2 3: Familias conjugadas (Cristóbal, 2000).

Comparación de modelos

Monleón y Crespo describen dos maneras de comparar modelos aplicados a la inferencia bayesiana. (Monleón & Crespo, 2017)

1. Factor de Bayes. – Permite cuantificar el soporte de un modelo sobre otro incluyendo una penalización por incluir demasiada estructura en el mismo, independientemente si son o no modelos correctos.

$$BF = \frac{f(Y_{OBS}|M_1)}{f(Y_{OBS}|M_2)} \quad (2.28)$$

Posee la siguiente regla de decisión:

BF	< 1	1-3	3-12	12-150	>150
Evidencia	-ve	weak	+ve	Strong	V. Strong

Tabla 2 4: Reglas de decisión del Factor Bayes (Monleón & Crespo, 2017).

2. DIC. – Es un criterio de información jerárquico generalizado del criterio de información de Akaike (AIC) y criterio de información bayesiano (BIC) que determina el ajuste o la capacidad predictiva de los modelos creados.

$$DIC = \text{Bondad de ajuste} + \text{Complejidad}$$

El ajuste lo hace obteniendo la devianza, tomando en cuenta la función completa de verosimilitud.

$$D(X) = -2 \text{Log } \mathcal{L}(Y|X)$$

La complejidad se calcula a través de las covarianzas midiendo una estimación del número efectivo de parámetros a través de la siguiente ecuación:

$$p_D = E_{X|Y}[D] - D(E_{X|Y}[D]) = \bar{D} - D(\bar{\theta})$$

Definiendo finalmente el criterio DIC como:

$$DIC = D(\bar{\theta}) + 2p_D \quad (2.29)$$

2.3 Método frecuentista VS Método Bayesiano

La Tabla 2.5 presenta las características de cada método (Revista Varianza, 2011).

Método Frecuentista	Método Bayesiano
La probabilidad es el límite de las frecuencias relativas.	La probabilidad tiene una interpretación subjetiva.
Se basa en la axiomática de la probabilidad.	Se fundamenta en la teoría de la decisión.
No es una teoría axiomática.	Posee axiomas que permiten la deducción de teoremas.
No se asignan probabilidades a un parámetro.	Hay distribuciones a priori y posteriori.
Los parámetros son variables fijas.	Los parámetros son variables aleatorias, por lo cual permite especificar las distribuciones de cada una.
Puede generar confusión en el significado de las estadísticas.	El razonamiento bayesiano puede guiarnos a lo ilógico.
Se extraen conclusiones a partir de los p-valores y los estimadores de máxima verosimilitud.	Los resultados dependen de la selección específica de la distribución a priori
Se habla de la media e intervalos de confianza.	Se utiliza términos como la media de la distribución posteriori del parámetro y los intervalos de credibilidad.
Tiene limitaciones en la complejidad de modelos.	Permite ajustar modelos complejos
Es inestable en casos de heterogeneidad de la muestra.	Permite alcanzar estimaciones más exactas de parámetros con un tamaño muestral pequeño.

Tabla 2 5: Características del Método Frecuentista versus el Método Bayesiano.

2.4 Aplicaciones informáticas para análisis bayesiano

El lenguaje R es uno de los más utilizados para análisis estadísticos debido a su acceso libre y flexibilidad, por lo cual se describirán programas de mayor uso que permitan una interacción directa con R (Halweb, s. f.) (Véase la Tabla 2.6).

Programa	Descripción	Librerías R	Instalación	Manual	Observaciones
WINBUGS	Basados en el proyecto BUGS realiza análisis de modelos bayesianos utilizando Marckov Chain Monte Carlo.	R2WinBugs R2OpenBugs Rbugs glmmBugs	https://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/software/bugs/the-bugs-project-winbugs/	https://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/wp-content/uploads/manual14.pdf	Es específicamente para Windows.
OPENBUGS			https://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/software/bugs/openbugs/	http://www.openbugs.net/w/Manuals	Funciona con Linux y Windows.
JAGS	Permite realizar análisis de modelos bayesianos utilizando Marckov Chain Monte Carlo.	Rjags R2jags Runjags Coda	https://sourceforge.net/projects/mcmc-jags/	https://sourceforge.net/projects/mcmc-jags/files/Manuals/	Utiliza el dialecto del lenguaje Bugs con algunas diferencias. Funciona con Linux, Mac, and Windows.

Tabla 2 6: Aplicaciones informáticas para análisis bayesiano con interacción de R.

2.5 Comandos principales para la implementación de la aplicación informática

WinBugs y Openbugs son aplicaciones informáticas escritas en Pascal, que poseen una limitación en cuanto a su funcionalidad únicamente en sistemas operativos Windows y Linux a través de Wine. Además, su confusa forma de especificar errores genera inconvenientes en el momento de resolver inconsistencias dentro de la programación.

Se especifica en el caso de Linux, que Wine es un programa que logra ejecutar aplicaciones de Windows en una computadora con Linux a través de la implementación de la API (interfaz de programación de aplicaciones) de Windows.

Debido a estos motivos, en este proyecto se utilizará R y JAGS (Just Another Gibbs Sampler) que en primera instancia se encuentra en continua renovación a diferencia de los anteriores mencionados, está programado en C++, es más ágil, computacionalmente mas potente y se utiliza en el análisis de modelos jerárquicos bayesianos utilizando MCMC (Lunn, Jackson, Best, Thomas, & Spiegelhalter, 2013).

Los siguientes apartados contienen una breve descripción de las funciones principales en R para el diseño de la aplicación informática que permitirá el análisis de concordancia bayesiano y frecuentista multiclase desequilibrado.

2.5.1 Función: `freqCI`

La función `freqCI` pertenece a la librería `REdaS` y calcula uno o más intervalos de confianza para un vector de observaciones o un objeto tabla, devolviendo una gráfica de barras con frecuencias como resultado. A través de este comando se obtendrá las gráficas iniciales que permitan observar una característica general de la base de datos a ser trabajada.

```
freqCI(x, level = 0.95)
```

Especificaciones:

- `x`: Debe ser un objeto numérico o factor de observaciones individuales, también podría utilizarse una tabla de frecuencias.
- `level`: Es un vector numérico de niveles de confianza entre 0 y 1 (Maier, 2015).

2.5.2 Función: `confusionMatrix`

Para el análisis de concordancia frecuentista se ha utilizado `confusionMatrix` de la librería `caret` el cual realiza una tabulación cruzada de clases observadas y pronosticadas con estadísticas asociadas basadas en las ecuaciones 2.11 a la 2.19.

```
confusionMatrix(data, referenc, positive = NULL, dnn = c("Prediction",  
"Reference"))
```

Especificaciones:

- `data`: Puede ser una tabla de clases o un factor de clases predichas.
- `reference`: Son resultados verdaderos para el contraste.
- `dnn`: Nos permite cambiar nombres en la tabla. (Kuhn et al., 2018)

2.5.3 Función: `jags.model`

La generación de muestras dependientes de la distribución posterior del parámetro Kappa mediante el modelo bayesiano planteado se realizó a través de la función `jags.model` de la librería `rjag` que permite una interacción con la aplicación informática JAGS previamente

instalado, creando un objeto que representa un modelo gráfico bayesiano especificado con una distribución en lenguaje BUGS de la verosimilitud y la distribución a priori.

```
jags.model(file, data, inits, n.chains = 1, n.adapt=1000, quiet=FALSE)
```

Especificaciones:

- `file`: Nombre del archivo o variable que contiene la descripción del modelo en lenguaje BUGS, también puede ser una conexión en modo texto o URL.
- `data`: Lista de datos de acuerdo al modelo planteado.
- `inits`: Lista de valores iniciales para el inicio del proceso en cada cadena. En caso de no colocar este ítem se generarán en forma aleatoria.
- `n.chains`: Número de cadenas paralelas para el modelo planteado.
- `n.adapt`: Número de iteraciones para el proceso burn-in o quemado.
- `quiet`: En el caso de colocar TRUE permite suprimir los mensajes que se generan en la compilación, así como la barra de progreso durante la adaptación (Plummer, Stukalov, & Denwood, 2018).

2.5.4 Función: `coda.samples`

La fase de compactación de muestras de la distribución posterior planteada con la función anteriormente mencionada se desarrolló con el comando `coda.samples` de la librería `rjags`.

```
coda.samples(model, variable.names, n.iter, thin = 1, na.rm=TRUE)
```

Especificaciones:

- `model`: Objeto JAGS obtenido a través de la aplicación de la función `jags.model`.
- `variable.names`: Nombre de las variables que se desea estimar, en nuestro caso `kappa`.
- `n.iter`: Número de iteraciones para realizar la respectiva monitorización del parámetro.
- `thin`: Permite reducir la cadena almacenando las k-ésimas muestras colocadas, la fijación de este parámetro deberá ser en base a la gráfica de autocorrelación. Por defecto `thin=1`.
- `na.rm`: En el caso de TRUE permite omitir los valores missing (Plummer, Stukalov, et al., 2018).

2.5.5 Función: `dic.samples`

Para el cálculo de la capacidad predictiva de cada modelo planteado se utilizó el índice DIC, determinado a través de la función `dic.samples` perteneciente a la librería `rjags`.

```
dic.samples(model, n.iter, thin = 1, type)
```

Especificaciones:

- `model`: Objeto JAGS obtenido a través de la aplicación de la función `jags.model`.
- `n.iter`: Número de iteraciones para realizar la respectiva monitorización del parámetro.
- `thin`: Permite reducir la cadena almacenando las k-ésimas muestras colocadas, la fijación de este parámetro deberá ser en base a la gráfica de autocorrelación. Por defecto `thin=1`.
- `type`: "Pd" basado en la deviance (Plummer, Stukalov, et al., 2018).

2.5.6 Función: `acfplot`

El análisis de autocorrelación de las cadenas que estimaron la distribución posterior después del proceso con el comando `coda.samples` fue ejecutado con la función `acfplot` de la librería `coda`.

```
acfplot(x)
```

Especificaciones:

- `x`: Objeto `mcmc.list` obtenido por la función `coda.samples` (Plummer, Best, et al., 2018).

2.5.7 Función: `gelman.diag`

La convergencia de las cadenas planteadas se analiza mediante la función `Gelman.diag` de la librería `coda`, en el cual los intervalos de confianza se basan en el supuesto de que la distribución estacionaria de la variable analizada es normal.

```
gelman.diag(x, confidence = 0.95, transform=FALSE, autoburnin=TRUE, multivariate=TRUE)
```

Especificaciones:

- `x`: Objeto `mcmc.list` con más de una cadena obtenido por la función `coda.samples`.
- `confidence`: Probabilidad del intervalo de confianza.
- `transform`: En el caso de `TRUE` permite transformar la variable `x` mejorando la normalidad de la distribución.
- `autoburnin`: Con la opción `TRUE` el comando usará únicamente la segunda mitad de la serie en el cálculo.
- `multivariate`: Indica si el factor de reducción de escala potencial multivariada se debe calcular para cadenas multivariadas (Plummer, Best, et al., 2018).

2.5.8 Función: `heidel.diag`

Adicionalmente se utilizó el comando `heidel.diag` de la librería `coda` que permite de igual manera realizar un análisis de la convergencia de la cadena, adicionando el p-valor para el análisis de estacionariedad mediante Cramer Von Mises.

```
heidel.diag(x, eps=0.1, pvalue=0.05)
```

Especificaciones:

- `x`: Objeto `mcmc.list` con más de una cadena obtenido por la función `coda.samples`.
- `eps`: Precisión requerida.
- `pvalue`: Nivel de significación (Plummer, Best, et al., 2018).

2.5.9 Función: `raftery.diag`

Un análisis extra a las cadenas de Markov se realizó mediante la función `raftery.diag` de la librería `coda` que permite determinar el número de iteraciones necesarias para estimar el cuantil deseado con probabilidad `p`, estimar el grado en el que la autocorrelación infla el tamaño de la muestra requerido y el número de iteraciones de burn-in que fueron descartados al inicio de cada cadena.

```
raftery.diag(data, q=0.025, r=0.005, s=0.95, converge.eps=0.001)
```

Especificaciones:

- `data`: Objeto `mcmc.list` con más de una cadena obtenido por la función `coda.samples`.
- `q`: Cuantil a ser estimado.
- `r`: Margen de error deseado de la estimación.
- `s`: Probabilidad del intervalo de confianza.
- `converge.eps`: Precisión requerida para estimar el tiempo de convergencia (Plummer, Best, et al., 2018).

2.5.10 Función: `gelman.plot`

Para la evolución gráfica de la convergencia de las cadenas mediante el factor de reducción de Gelman Rubin de acuerdo al número de iteraciones seleccionado se utilizó la función `gelman.plot` de la librería `coda`.

```
gelman.plot(x, bin.width = 10, max.bins = 50, confidence = 0.95, transform = FALSE, autoburnin=TRUE)
```

Especificaciones:

- `x`: Objeto `mcmc.list` con más de una cadena obtenido por la función `coda.samples`.
- `bin.width`: Número de observaciones por segmento, excluyendo el primero que siempre tiene al menos 50 iteraciones.
- `max.bins`: Número máximo de bins excluyendo el último.
- `confidence`: Probabilidad del intervalo de confianza.
- `transform`: En el caso de `TRUE` permite transformar la variable `x` mejorando la normalidad de la distribución.
- `autoburnin`: Con la opción `TRUE` el comando usará únicamente la segunda mitad de la serie en el cálculo (Plummer, Best, et al., 2018).

2.6 Revisión del estado del arte

A continuación, se presenta una revisión de la literatura científica de aquellos trabajos que poseen relación alguna con el tema planteado en el presente proyecto. Permitiendo conocer diversas técnicas, tipos de estudio y consideraciones desarrolladas por diversos autores a problemas relacionados con el análisis de concordancia tanto frecuentista como bayesiano, en casos con categorías desequilibradas.

(Basso, Case, & Dell'Orto, 2007) Basso y otros en su artículo "Diagnosis and genetic subtypes of leukemia combining gene expression and flow cytometry" analizan enfermedades genéticas de cáncer común en niños como es la leucemia linfoblástica aguda (LLA) y la leucemia mieloide aguda (LMA), realizando un análisis de concordancia entre un método computacional basado en tecnología de micromatrices (permite cuantificar miles de genes en un solo análisis) y un *gold estándar* conseguido mediante métodos morfológicos, citoquímicos, citogenéticos, genética molecular, inmunofenotipificación y biología molecular.

A través de un análisis de concordancia frecuentista dicotómico obtiene una precisión diagnóstica en las muestras de pacientes analizadas del 97% y un nivel de concordancia Kappa del 0.956, demostrando un alto nivel de acuerdo entre el *gold estándar* y la clasificación a base de micromatrices.

(Egelé et al., 2016) Egelé y otros en su artículo “Classification of several morphological red blood cell abnormalities by DM96 digital imaging” describen en primera instancia los beneficios del uso de la microscopia digital en vez de la manual para el análisis de frotis en sangre periférica con mayor rapidez y eficiencia al momento de clasificar glóbulos blancos (neutrófilos, linfocitos, monocitos, eosinófilos y basófilos) y células blásticas, con menor precisión en los promielocitos, mielocitos y metamielocitos e inclusive el análisis de morfológico de glóbulos rojos.

La mejora de la microscopia digital mediante el sistema DM96 (CellaVision, Lund, Suecia) permite la clasificación automática de anomalías morfológicas en glóbulos rojos, desarrollada a través de redes neuronales considerando 80 características, obteniendo como output una imagen y preclasificación de glóbulos rojos.

Los autores utilizan un análisis de concordancia frecuentista de variables politómicas para determinar el nivel de acuerdo entre los resultados obtenidos a través del sistema DM96 y la clasificación manual realizada por tres expertos en morfología; también consiguieron el acuerdo entre la pre y post clasificación de la aplicación informática DM96. Para este objetivo se utilizó 316 frotis de sangre periférica correspondiente a un grupo de pacientes y muestras normales

Como resultado obtuvieron tasas variables de sensibilidad (>80%) de acuerdo a la anomalía morfológica y además una especificidad >90% para todas las anomalías (Véase figura 2.11).

Table 2. Sensitivity, specificity, confidence intervals (CI) and agreement of the DM96 postclassification results vs. manual classification results

Abnormality	Sensitivity in %	95% CI sensitivity	Specificity in %	95% CI specificity	Agreement in %	False-positive ratio in %	False-negative ratio in %
Microcytosis	64.3	38.8–83.7	97.4	94.9–98.7	95.9	2.6	35.7
Macrocytosis	25.0	12.0–44.9	99.7	98.0–99.9	94.0	0.3	75.0
Target cells	82.4	59.0–93.8	99.0	97.1–99.7	98.1	1.0	17.6
Schistocytes	72.7	43.4–90.2	94.8	91.7–96.8	94.0	5.2	27.3
Spherocytes	80.0	54.8–93.0	91.7	88.0–94.3	91.1	8.3	20.0
Teardrop cells	83.6	72.9–90.6	94.4	90.8–96.6	92.1	5.6	16.4
Howell Jolly's	88.9	74.7–95.6	97.5	94.9–98.8	96.5	2.5	11.1
Acanthocytes	75.0	46.8–91.1	100.0	98.8–100.0	99.1	0.0	25.0
Stomatocytes	25.0	7.2–59.1	99.7	98.2–99.9	97.8	0.3	75.0
Polychromasia	88.0	80.5–92.8	97.6	94.5–99.0	94.3	2.4	12.0
Hypochromasia	83.3	66.4–92.7	96.2	93.2–97.8	94.9	3.8	16.7
Sickle cells	69.2	42.4–87.3	99.7	98.1–99.9	98.4	0.3	30.8

Figura 2 11: Sensibilidad, especificidad, intervalo de confianza y acuerdo. (Egelé et al., 2016)

Por otro lado, el análisis de pre y post clasificación revelaron variaciones en la tasa de sensibilidad entre 17% y 100%, caso similar al de especificidad (41% al 100%), debido a la imprecisión en la clasificación por parte del sistema DM96. En los dos casos el nivel acuerdo es superior al 90%.

(Tovar, 2015) José Tovar en su artículo “Bayesian inference and health research studies: an application case in clinical diagnosis” reconoce el aumento en la utilidad de modelos bayesianos en proyectos de investigación de diferentes áreas de la salud en especial en pruebas de diagnóstico clínico por parte de estadísticos y bioestadísticos. Además, aplica el método frecuentista y bayesiano (con MCMC) desarrollando un procedimiento que permita estimar la sensibilidad y especificidad de la colangiografía magnética como prueba para clasificar individuos con coledocolitiasis.

El experimento fue aplicado a pacientes con pancreatitis aguda de origen Biliar, en el cual se tomaron como referencia 154 historias clínicas, de las cuales 153 constaban con el resultado de la ecografía como estudio adicional, por lo cual asume que el resultado es positivo cuando al menos uno de ellos sea positivo.

Para la verosimilitud utiliza una distribución binomial.

$$L(\alpha|a) = \binom{r_1}{a} \alpha^a (1-\alpha)^{r_1-a} \quad L(\beta|d) = \binom{r_2}{d} \beta^d (1-\beta)^{r_2-d}$$

donde:

- r_1 y r_2 son los sujetos evaluados en el estudio.
- a = suceso resultante de una endoscopia.
- b = suceso resultante de una Colangiopancreatografía.

La distribución a priori fue escogida utilizando el principio de Laplace asumiendo que los valores de α y β en el intervalo son equiprobables, por lo tanto, utiliza una $X \sim Uni(0,1)$ y una $X \sim B(1,1)$. Una vez calculados los hiperparámetros, obtuvo la distribución posterior a través del Teorema de Bayes:

$$f(\alpha|a, s_1, t_1) = \frac{L(\alpha|a)f(\alpha)}{\int_0^1 L(\alpha|a)f(\alpha)d\alpha} \quad f(\beta|d, s_2, t_2) = \frac{L(\beta|d)f(\beta)}{\int_0^1 L(\beta|d)f(\beta)d\beta}$$

Como resultado encontró una mejor precisión en las estimaciones bayesianas frente al método clásico basado en máxima verosimilitud, observando una distribución a posterior simétrica dentro del intervalo.

La Figura 2.12 señala los resultados obtenidos en la investigación.

Método	Prueba	Sensibilidad	Especificidad
Inferencia Clásica* (método de máxima verosimilitud)	CRM	97.1 (92.5-100)	43.8 (16.3-71.2)
	Ecografía+CRM	77.5 (67.0-87.9)	33.3 (0-69.7)
Bayes usando a priori de referencia**	CRM	95.8 (90.2-99.1)	44.0 (22.9-67.0)
	Ecografía+CRM	76.7 (66.4-85.6)	36.4 (12.1-65.2)
Bayes**(a priori obtenida con información publicada)	CRM	91.0 (89.0-93.0)	78.0 (70.1-85.0)
	Ecografía+CRM	89.5 (87.4-91.4)	79.4 (71.3-86.4)
Bayes** (a priori obtenida a través de un médico especialista)	CRM	85.8 (83.6-87.8)	77.8 (67.5-86.5)
	Ecografía+CRM	84.5 (82.3-86.6)	80.0 (69.5-88.7)

Figura 2 12: Estimación de la sensibilidad y especificidad a través de métodos bayesianos.(Tovar, 2015)

(Lopes, da Silva, & de Araujo, 2012) Oliveira y otros presentan un artículo que ilustra la aplicación de modelos bayesianos en el área de enfermería con el fin de obtener diagnósticos válidos y confiables, tomando en cuenta que estos profesionales trabajan bajo un ambiente de incertidumbre en fenómenos específicos de la profesión que les obliga a utilizar un proceso de interpretación en cuanto a pruebas diagnósticas.

Señala que la inferencia bayesiana es de gran aplicabilidad dentro de diferentes áreas de la enfermería reduciendo la incertidumbre en fenómenos y mejorando su precisión, al igual que contribuye a las discusiones y mejoras en el proceso de caracterización de los perfiles de diagnóstico. El artículo incluye los pasos fundamentales para la determinación de la probabilidad posterior de una respuesta humana basada en un conocimiento preliminar, acompañada de un ejemplo ilustrativo.

Para los respectivos cálculos utiliza una probabilidad θ correspondiente a una respuesta humana, basada en una información disponible k lo cual se representa como $P(\theta|k)$ con el supuesto que la probabilidad atribuida a una respuesta es siempre condicional a la información clínica que se posee del paciente. La distribución a priori representa la prevalencia de la respuesta humana en base a los conocimientos existentes previamente y la verosimilitud se encuentra relacionada con el evento.

Los pasos fundamentales propuestos son: Determinar la distribución a priori, la función de verosimilitud, generar el modelo y determinar la distribución posteriori.

Utiliza una distribución Binomial aplicado a variables discretas para la función de verosimilitud.

$$P(H = h) = \binom{n}{h} \theta^h (1 - \theta)^{n-h}$$

Donde:

- $P(H = h)$ es la probabilidad de encontrar un número h de individuos en la muestra observada con la respuesta humana de interés.
- n = Número total de individuos.
- h = Número de individuos con la respuesta humana.
- θ = La probabilidad que ocurra la respuesta.

Basándose en la familia conjugada la distribución a priori utilizada es una Beta, teniendo en cuenta que la probabilidad se encontrará entre 0 y 1.

$$Be(\theta|\alpha, \beta) = \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} \theta^{\alpha-1} (1 - \theta)^{\beta-1}$$

El ejemplo propuesto por el autor permite definir la distribución de probabilidad posterior (utilizando MCMC) que analiza los patrones de respiración ineficaces θ en una población de 1000 niños con neumonía, de los cuales 200 presentan este diagnóstico, además posee la información de las tasas de prevalencia (entre el 20% y 60%).

Como resultados obtiene una distribución que representó estimaciones puntuales del patrón de respiración entre 17.96% y 22.89%. Finalmente recalca la ventaja bayesiana de utilizar todo el conocimiento disponible sobre el fenómeno.

Fernando Calle en su Tesis Doctoral “Técnicas Bayesianas de apoyo en la toma de decisiones y sus aplicaciones” (Calle, 2014) utiliza métodos estadísticos para la resolución de problemas en los que la toma de decisiones juega un papel muy importante, utilizando principalmente la metodología bayesiana debido a su facilidad en incluir información adicional.

En primera instancia propone un nuevo método híbrido de agregación de preferencias que agrupa la comparación por pares, regresión binaria Bayesiana y el algoritmo del vecino más cercano utilizando funciones de enlaces simétrica y asimétrica. El modelo fue validado en problemas de clasificación en el ámbito del diagnóstico médico tales como: la clasificación de imágenes referentes al cáncer de mama y dos sistemas CAD sobre patologías de la columna vertebral; para la obtención de las distribuciones posteriores se basó en MCMC utilizando la aplicación informática Wingbus y el lenguaje R.

Como segundo punto propone la evaluación del grado de acuerdo de una decisión colaborativa, definiendo los conceptos principales y medidas de acuerdo comunes, seguidamente define y aplica el método basado en el índice de Dice a problemas de productos en el ámbito sensorial (discriminación de dos productos cárnicos). De igual manera propone una aproximación Bayesiana de las medidas de acuerdo basado en el método de Montecarlo a través de un modelo Dirichlet – Multinomial y otro basado en la mixtura de distribuciones en un estudio que permita diagnosticar la esquizofrenia en 196 pacientes del Instituto Psiquiátrico de Illinois.

Finalmente, a través de redes Bayesianas obtiene información relevante en problemas de decisión del ámbito veterinario y el riesgo de análisis en aviación. En el ámbito veterinario confirma la existencia de tres subpoblaciones espermáticas caracterizando el semen de tenca en términos de velocidad y linealidad. En cambio, en el ámbito de la aviación analiza las variables más influyentes que producen las salidas de pista, analiza tres de ellas con la información de 266 operaciones de aterrizaje obtenidas durante un periodo de 10 meses, concluyendo con un breve análisis estadístico y consecuentemente aplicación de redes bayesianas.

Como resultado del primer caso obtuvo mejor precisión que los proporcionados por las publicaciones originales de los casos escogidos. En el segundo caso la aplicación de los modelos facilitó la incorporación de información adicional mostrándose computacionalmente eficientes en la estimación de las medidas de acuerdo. En el tercer caso realizó la clasificación de las características más comunes en las tes pistas que producen estos sucesos de acuerdo a su peligrosidad.

Conclusión: En base a los cinco artículos analizados se puede señalar que la aplicación de métodos bayesianos comienza a convertirse en una técnica de cálculo eficaz y robusta en áreas como la salud, agronomía, aviación, etc. Utilizado en la estimación de parámetros puntuales como la sensibilidad, especificidad, precisión y parámetros de distribuciones a priori, calculados a través del uso del algoritmo Cadenas de Markov Monte Carlo con la ayuda de la aplicación informática Winbugs y el lenguaje R, en problemas multiclase con clases desequilibradas. Las distribuciones utilizadas para la priori son la uniforme, beta y una mixtura de Dirichlet – multinomial, mientras que para la función de verosimilitud utilizan la distribución binomial.

Varios autores concuerdan que la aplicación de métodos bayesianos es una técnica eficaz y precisa que permite introducir información del conocimiento específico del fenómeno traducido a probabilidad.

Es importante señalar que dentro de la exhaustiva revisión literaria no se encontró investigaciones que realicen una estimación puntual del índice kappa en análisis de concordancia de problemas multiclase a través de métodos bayesianos.

Capítulo III

Diseño de una librería en el lenguaje de programación R para el análisis de concordancia frecuentista y bayesiano en datos con variables dicotómicas y politómicas

Este capítulo detallará en primera instancia el objetivo del diseño del library correspondiente en el entorno de desarrollo integrado RStudio del lenguaje R, seguido de un procedimiento metodológico que permita tener una visión general del proceso y funcionamiento. Se especificará las funciones principales y secundarias de la librería KfreqBay creado.

A continuación, se presentará en forma matemática los tres modelos bayesianos empleados. Se describirá la instalación, parámetros de entrada, funcionamiento y outputs de la función diseñada en RStudio. Finalmente se realizarán pruebas preliminares del comando y análisis de sensibilidad utilizando valores simulados no balanceados, con probabilidades a priori tanto en casos que sean o no equiprobables.

3.1 Objetivo práctico

Diseñar una librería en RStudio que permita realizar un análisis de concordancia de manera robusta y eficaz, aplicable a datos con variables dicotómicas y politómicas con categorías no balanceadas utilizando el método frecuentista y bayesiano mediante cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC), ya sea creando un *gold estándar* y clasificadores con distribución multinomial por simulación o a través de un conjunto de datos preestablecidos.

3.2 Procedimiento metodológico del diseño

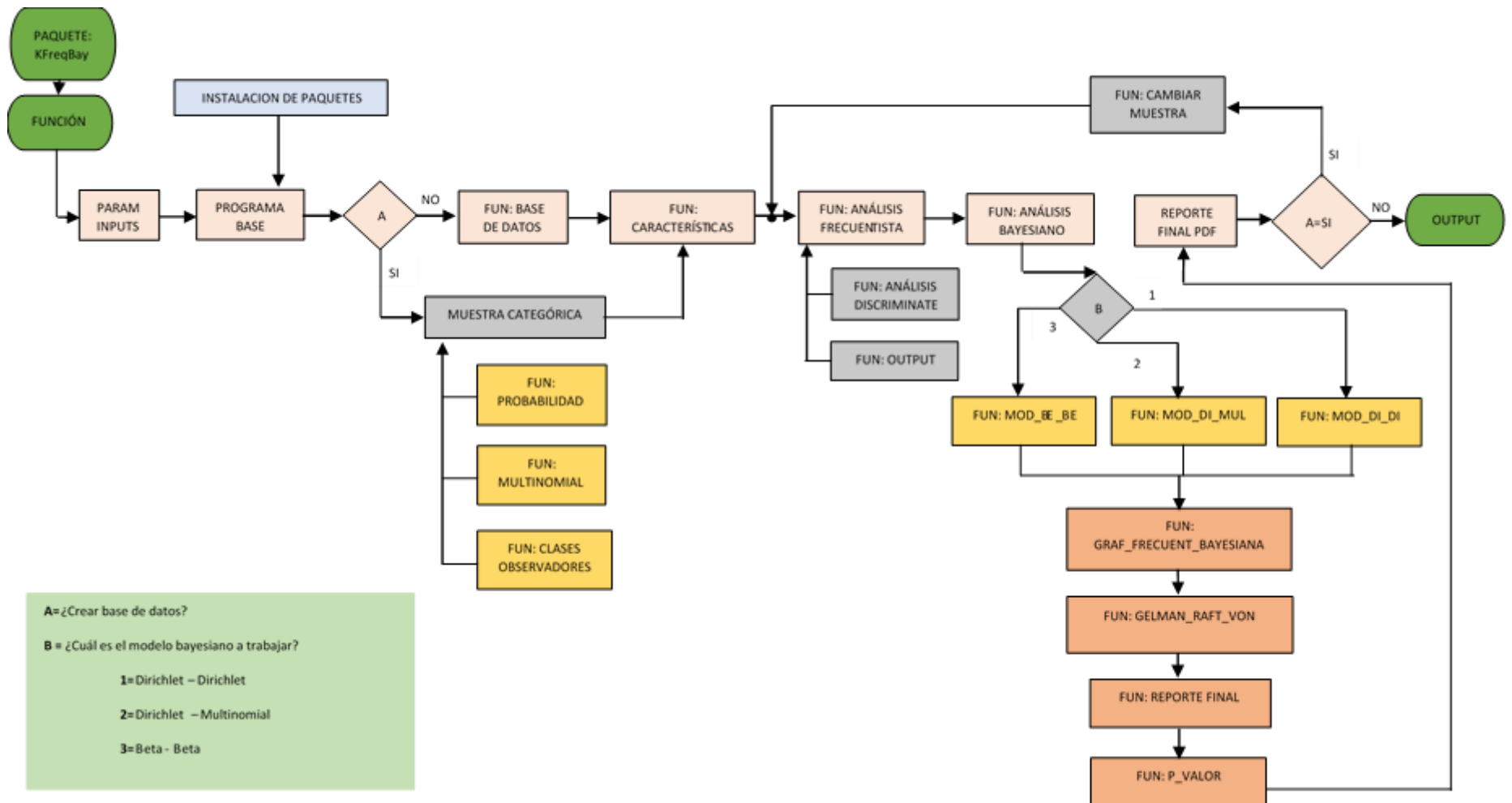


Figura 3 1: Procedimiento metodológico del diseño.

3.3 Funciones principales y secundarias de la librería **KFreqBay**

Se ha diseñado el comando `K_Freq_Bay()` que posee un sinnúmero de funciones principales y secundarias (Apéndice A) encapsuladas en una librería del entorno RStudio de tipo zip llamado "KFreqBay_0.0.0.9000.tar". A continuación, se describe la acción de cada una de ellas sobre el diseño.

- `Paq_nec()`.- Realiza la instalación de todas las librerías adicionales y activa las librerías necesarias para el funcionamiento del programa, evitando al usuario esta tediosa labor.
- `Fun_mensajes()`.- Contiene los mensajes de indicaciones que se presentarán en la consola.
- `muestra_categori()`.- Basada en 3 funciones secundarias que permiten generar de manera aleatoria multinomial una base de datos multiclase.
 - `Prop.priori()`.- Almacena el tamaño muestral, número de categorías y probabilidades.
 - `Fun_multi()`.- Genera categorías aleatorias basada en los datos almacenados anteriormente, creando el *gold estándar*.
 - `Fun_clas_obs()`.- Crea observadores en base a una precisión mínima deseada.
- `base_datos`.- Convierte la base de datos de tipo carácter a numérica y enumera los *n* observadores con la ayuda de la subfunción `Fun_cam_cate()`.
- `Fun_carac()`.- Diseña gráficas del número de categorías en relación a su tamaño y los almacena en el directorio de trabajo establecido en formato pdf.
- `Analisis_frecue()`.- Realiza un análisis de concordancia basado en el método frecuentista, utilizando cuatro subfunciones.
 - `Fun_ana_disc()`.-Obtiene las estadísticas principales (accuracy, accuracy lower, accuracy upper, Accuracy null, accuracy p-value, McNemarPvalue, kappa, kappa lower, kappa upper, sensitivity, specificity).
 - `mis_Conf_Mat()`.- Genera la matriz de confusión para casos de probabilidades extremas en donde hay inexistencia de categorías en uno o varios observadores.
 - `Fun_sen_esp()`.- Extrae las estadísticas por clase del método frecuentista.
 - `Fun_imp_trad()`.- Almacena resultados de interés.
- `Analisis_bayes()`.- Elabora un análisis de concordancia bayesiano basado en el modelo seleccionado.
 - `Mod_Di_Di()`, `Mod_Di_Mul()` y `Mod_Be_Be()`.- Utilizando uno de los modelos predefinidos y los parámetros de entrada especificados por el usuario realiza la estimación: del parámetro kappa a través de MCMC y la capacidad predictiva del modelo DIC.
 - `Fungraf_frec_bay()`.- Almacena la gráfica de densidad (kappa) en formato pdf del método bayesiano VS el frecuentista, además incluye la gráfica de los residuos del proceso de MCMC.
 - `Fun_Gelm_Raft()`.-Desarrolla un análisis de convergencia (Gelman Rubin y Raftery Lewis) y autocorrelación de las cadenas planteadas en formato pdf,

además almacena un informe del test de estacionariedad (Cramer Von Mises) y convergencia en formato dataframe.

- `Repor_final()`.- Fusiona los resultados tanto del método frecuentista como bayesiano, almacenándolos en un dataframe al igual que en directorio de trabajo en formato pdf.
- `p_valor_est()`.- Desarrolla el test de estacionariedad anexándolo al reporte final en formato pdf.
- `cam_mues()`.-Ejecuta todo el proceso de cálculo cambiando el tamaño muestral, manteniendo probabilidades y número de observadores. Operación que se realiza únicamente si el parámetro de entrada de `data=FALSE`.

3.4 Modelos Bayesianos

Los modelos desarrollados para la función `KFreqBay` fueron ejecutados utilizando la librería `rjags` en formato texto mediante la función `textconnection(model)` y se basan en cuatro bases bibliográficas tales como:

- La tabla 2.3 de mixturas de familias conjugadas más utilizadas planteado por (Cristóbal, 2000), con la finalidad de ubicar distribuciones en la verosimilitud y prioris que permitan conocer la proyección de la distribución posterior que se obtiene al realizar tal mixtura.
- Lunn y otros en su libro de “The BUGS Book A Practical Introductio to Bayesian Analysis” ubica las distribuciones ocupadas tanto para modelos univariantes y multivariantes discretas, al igual describe ejemplos prácticos con otras finalidades, pero enfocado a datos categóricos que han permitido reconocer la factibilidad de los modelos Beta-Beta, Dirichlet- Multinomial planteados (Lunn et al., 2013).
- Kéry y Royle en su libro “Applied Hierarchichal modeling in ecology” realiza un análisis de distribución, de abundancia y riqueza de especies aplicando R y BUGS, en donde se encuentra enfocado a problemas con covariantes y regresiones lineales en datos categóricos de los cuales tienden a ocupar los modelos tales como Beta-Beta y Dirichlet- Multinomial (Kéry & Royle, 2016).
- Sanjib y otros en su libro “Bayesian Inference for Kappa from Single and Multiple Studies. Biometrics” plantean un modelo Dirichlet - Dirichlet para datos categóricos equiprobables (Sanjib, Mousumi, & Ananda, 2000).

Modelo Dirichlet – Dirichlet (`Mod_Di_Di()`)

El primer modelo planteado posee una función de verosimilitud $X \sim Ber(p)$ y la distribución a priori de los dos observadores es una Dirichlet:

```

agreement <- rater1 == rater2
n_categories <- NC
n_ratings <- tamaño.muestral
prob <- p

Model <- "model {

  # Verosimilitud

  kappa <- (p_agreement - expected_agreement) / (1 - expected_agreement)
  expected_agreement <- sum(p1 * p2)

  for(i in 1:n_ratings) {
    rater1[i] ~ dcat(p1)
    rater2[i] ~ dcat(p2)
    agreement[i] ~ dbern(p_agreement)
  }

  # Parametros priori

  p1 ~ ddirch(alpha)
  p2 ~ ddirch(alpha)
  p_agreement ~ dbeta(1, 1)

  alpha <- prob

}"

```

Por la ecuación 2.9 se tienen distribuciones prior con la función de densidad:

$$f(X, \alpha) = \frac{\Gamma(\sum_{i=1}^k \alpha_i)}{\prod_{i=1}^k \Gamma(\alpha_i)} \prod_{i=1}^k x_i^{\alpha_i - 1}$$

Para la verosimilitud se utilizó una distribución $X \sim Ber(p)$, con $p \sim Beta(1,1)$ debido a que la estimación puntual de kappa se encontrará entre 0 y 1. Es muy importante señalar que esta distribución es similar a tener $X \sim U(0,1)$. De la ecuación 2.4 tenemos:

$$f(x) = p^x (1-p)^{1-x}$$

$$\text{Por ec. 2.8 } p = \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1}$$

Por lo tanto:

$$\text{Probabilidad a posteriori} \propto \text{Verosimilitud} * \text{Probabilidad a priori}$$

$$\pi(X|Y) = \left(\frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1} \right)^x \left(1 - \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1} \right)^{1-x} * \frac{\Gamma(\sum_{i=1}^k \alpha_i)}{\prod_{i=1}^k \Gamma(\alpha_i)} \prod_{i=1}^k x_i^{\alpha_i - 1}$$

A través de la tabla 2,3 se conoce que $\pi(X|Y) \sim Dirichlet$

Modelo Dirichlet – Multinomial (Mod_Di_Mul())

Se plantea una función de verosimilitud que sigue una $X \sim Ber(p)$ y la distribución a priori del primer observador es Multinomial, mientras que del segundo es Dirichlet:

```

agreement <- rater1 == rater2
n_categories <- NC
n_ratings <- tamaño.muestral
prob <- p

Model <- "model {

  # Verosimilitud

  kappa <- (p_agreement - expected_agreement) / (1 - expected_agreement)
  expected_agreement <- sum(p1 * p2)

  for(i in 1:n_ratings) {
    rater1[i] ~ dcat(p1)
    rater2[i] ~ dcat(p2)
    agreement[i] ~ dbern(p_agreement)
  }

  # Parametros prior
  p1 ~ ddirch(alpha)
  p2 ~ dmulti(alpha,1)
  p_agreement ~ dbeta(1, 1)

  alpha <- prob
}"

```

Monleón presenta la mixtura del modelo Dirichlet – Multinomial, dado un conjunto de funciones de probabilidad $P_1(X) \dots P_n(X)$ o distribución acumulativa $P_1(X) \dots P_m(X)$ con pesos $w_1 \dots w_m$ donde $w_i \geq 0, \sum_{i=1}^m w_i = 1$ (Monleón - Getino, 2018).

$$F(x) = \sum_{i=1}^m w_i P_i(x)$$

$$f(x) = \sum_{i=1}^m w_i p_i(x)$$

donde basado en las ecuaciones 2.6 y 2.9 tenemos:

$$p_i(x) = \frac{(N!) \Gamma(\sum_i^k \alpha_i)}{\Gamma(n + \sum_i^k \alpha_i)} \prod_i^k \left(\frac{\Gamma(\sum_i^k x_i + \alpha_i)}{(x_i!) \Gamma(\alpha_i)} \right)$$

Para la verosimilitud se utilizó una distribución $X \sim Ber(p)$, con $p \sim Beta(1,1)$. De la ecuación 2.4 tenemos:

$$f(x) = p^x (1-p)^{1-x}$$

$$\text{Por ec. 2.8} \quad p = \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1}$$

Por lo tanto:

Probabilidad a posteriori \propto *Verosimilitud* * *Probabilidad a priori*

$$\pi(X|Y) = \prod_{i=1}^n \left(\frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x_i^{\alpha-1} (1-x_i)^{\beta-1} \right)^{x_i} \left(1 - \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x_i^{\alpha-1} (1-x_i)^{\beta-1} \right)^{1-x_i} * \frac{(N!) \Gamma(\sum_i^k \alpha_i)}{\Gamma(n + \sum_i^k \alpha_i)} \prod_i^k \left(\frac{\Gamma(\sum_i^k x_i + \alpha_i)}{(x_i!) \Gamma(\alpha_i)} \right)$$

Modelo Beta – Beta (Mod_Be_Be())

El tercer modelo planteado posee una función de verosimilitud $X \sim Ber(p)$ y la distribución a priori de los dos observadores es una Beta:

```

agreement <- rater1 == rater2
n_categories <- NC
n_ratings <- tamaño.muestral
prob <- p
Model <- "model {

  # Verosimilitud

  kappa <- (p_agreement - chance_agreement) / (1 - chance_agreement)
  chance_agreement <- sum(p1 * p2)

  for(i in 1:n_ratings) {
    agreement[i] ~ dbern(p_agreement)
  }

  # Parametros priori

  p_agreement ~ dbeta(1, 1)

  for( i in 1:n_categories) {
    p1[i] ~ dbeta(prob[i],n_ratings)
    p2[i] ~ dbeta(prob[i],n_ratings)
  }

}"

```

Como priori se tiene:

$$f(x) = \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1}$$

Para la verosimilitud se utilizó una distribución $X \sim \text{Ber}(p)$, con $p \sim \text{Beta}(1,1)$ De la ecuación 2.4 tenemos:

$$f(x) = p^x (1-p)^{1-x}$$

$$\text{Por ec. 2.8} \quad p = \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1}$$

Por lo tanto:

$$\text{Probabilidad a posteriori} \propto \text{Verosimilitud} * \text{Probabilidad a priori}$$

$$\pi(X|Y) = \left(\frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1} \right)^x \left(1 - \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1} \right)^{1-x} * \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha) \Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1}$$

A través de la tabla 2,3 se conoce que $\pi(X|Y) \sim \text{Beta}$

3.5 Librería KfreqBay: instalación, parámetros de entrada, funcionamiento y outputs

Instalación

Para su instalación el procedimiento a seguir es:

1. Descargarse la librería KfreqBay de la dirección (<https://github.com/RicardoBorja>).
2. Iniciar el programa RStudio, hacer click en la opción Packages – Install.

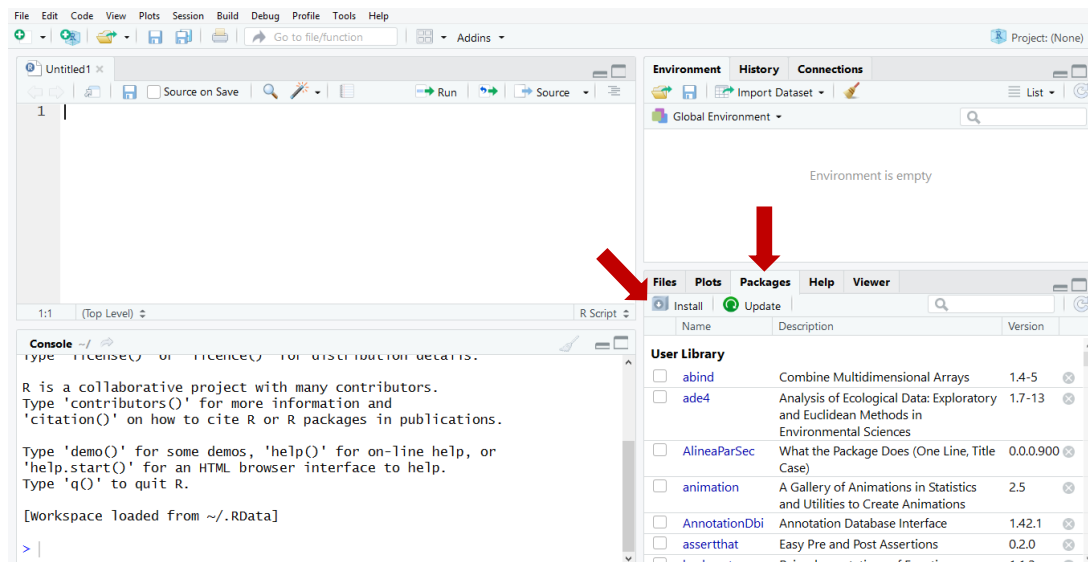


Figura 3 2: Instalación de una librería en RStudio tipo tar.

3. Escoger la opción “Package Archive File (.zip; .tar.gz)” y escoger Browse.

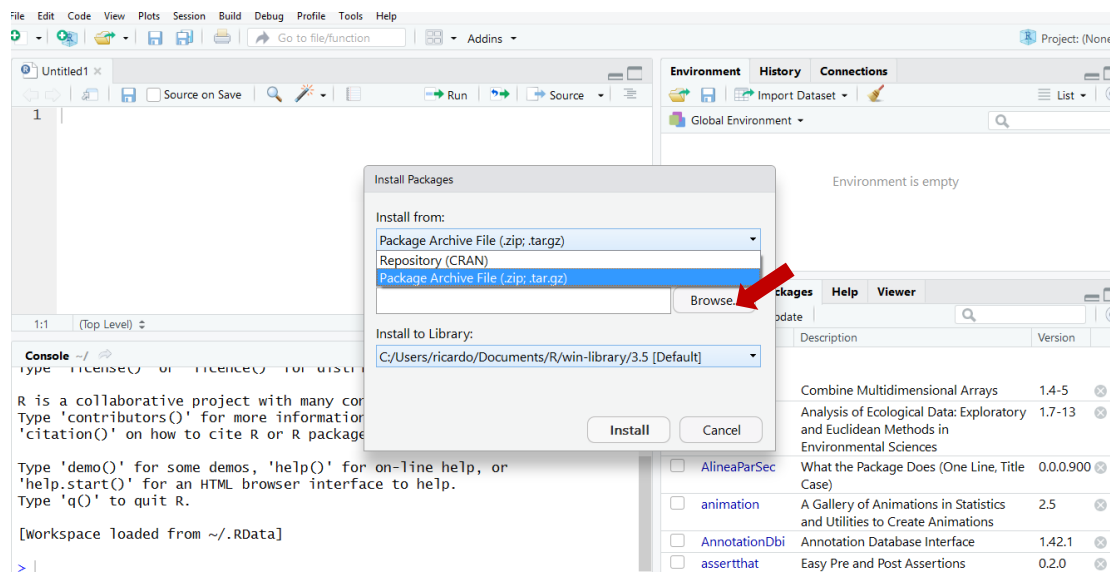


Figura 3 3: Ubicación de la librería tipo tar.

4. Seleccione la ubicación y el archivo “KFreqBay_0.0.0.9000.tar”, previamente descargado, finalmente realice la instalación.

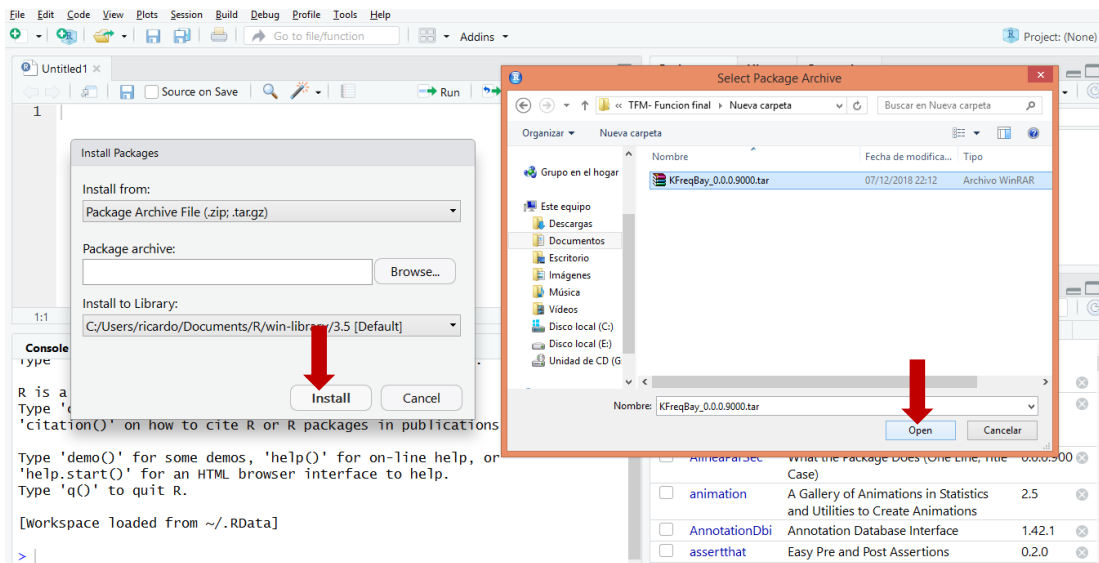


Figura 3 4: Proceso de instalación de la librería K_Freq_Bay en RStudio.

5. En la sección de librerías encontrará la función K_Freq_Bay, mismo que podrá ser activado utilizando el comando `library(KFreqBay)`.

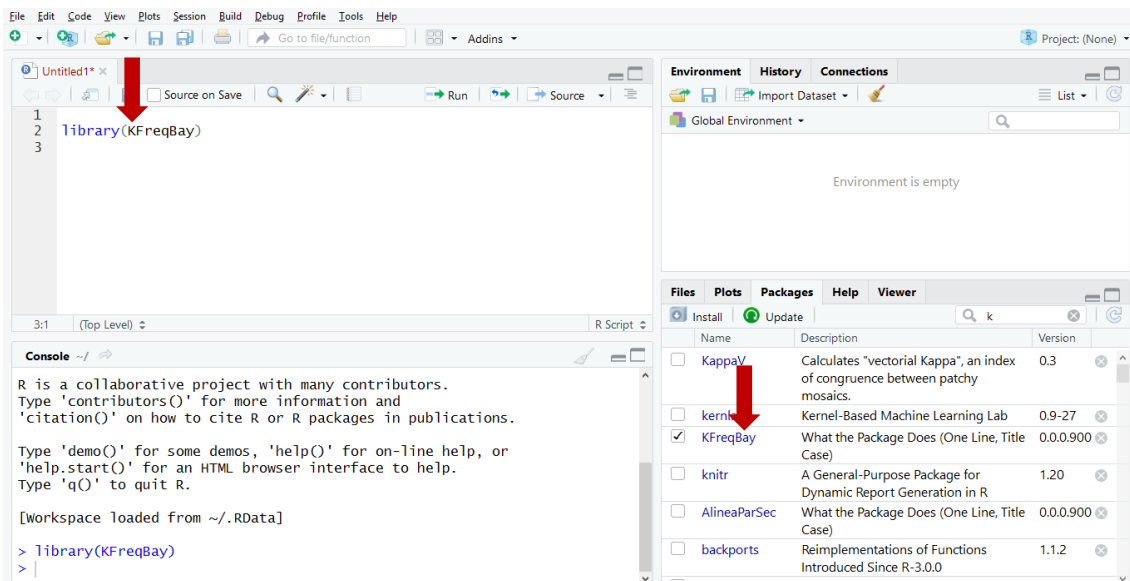


Figura 3 5: Activación de la librería K_Freq_Bay en RStudio.

Una vez instalada y activada la librería KFreqBay, podrá ser utilizado a través de la siguiente función:

```
K_Freq_Bay(data=FALSE, setseed=1234, num_mult=1000, burn_in=10000,  
           chains=2, updat=1000, thin_=1, iter_thin_=20000, models=1, DIC_=0)
```

Como puede observarse, K_Freq_Bay() posee valores por defecto para el análisis de concordancia, con accesibilidad a cambios de acuerdo a las necesidades del usuario.

El significado de cada parámetro input y una guía rápida de uso puede ser consultado en RStudio a través de `?KFreqBay`.

Parámetros de entrada

- `data=` Especificar el nombre del archivo de la base de datos de tipo “dataframe” a ser analizada previamente cargada en RStudio, con el *gold estándar* ubicado en la primera columna. En el caso que se desee crear por simulación el *gold estándar* y clasificadores con una distribución multinomial `data=FALSE`.
- `setseed=` Semilla aleatoria fijada únicamente para el caso `data=FALSE` con el fin de obtener datos multinomiales reproducibles y comparables.
- `num_mult=` Número de veces que se simulará datos aleatorios multinomiales en el caso `data= FALSE`.
- `burn_in=` Número de valores descartados debido a la fase de calentamiento en el análisis bayesiano por MCMC.
- `chains=` Número de cadenas de Markov a simular.
- `updat=` Número de veces que se simulará el modelo bayesiano planteado.
- `thin_=` Número de datos seleccionados en cada retardo `r` con el fin que la muestra sea incorrelada.
- `iter_thin_=` Número de iteraciones escogiendo el `thin` definido.
- `models=` Modelos bayesianos para el análisis de concordancia: 1 = Modelo Dirichlet – Dirichlet, 2= Modelo Dirichlet – Multinomial, 3= Modelo Beta - Beta.
- `DIC_=` Capacidad predictiva del modelo. Si el valor es 0 el cálculo es omitido, en el caso de asignar 1 se obtendrá el valor para todas las posibilidades de pares, por lo cual el usuario comprenderá que el tiempo de ejecución será mayor.

Funcionamiento

A continuación, se presenta un procedimiento general de funcionamiento del comando `K_Freq_Bay()` en el caso `data=FALSE`. Es importante recalcar que únicamente se deberá observar la consola y responder en forma numérica a las opciones presentadas, validando a través de un enter.

1. Escoger la manera de simular los datos aleatorios multinomiales, en el caso 1 debe ingresar el número de categorías y la cantidad de datos por cada una,

```
Console ~/Modulos maestria/Tesis estadística master/Pruebe la función/
You must load the database to R locating the gold
standard in the first column, the file should be
data frame.

Choose the way you want to create the sample (Example: Option= 1).

1 = Entering the size of each category
2 = Enter the probabilities by categories
3 = Go out
Option=1
Enter the number of categories =5
Categories 1 =200
Categories 2 =300
Categories 3 =400
Categories 4 =20
Categories 5 =1
```

Figura 3 6: Generación de datos politémicos aleatorios a través del número de categorías y tamaño muestral.

Para la opción 2 debe señalar el número de categorías, la probabilidad de cada una de ellas ($\sum_{i=1}^n p(X) = 1$) y el tamaño de la muestra.

```
Console ~/Modulos maestria/Tesis estadística master/Pruebe la función/
You must load the database to R locating the gold
standard in the first column, the file should be
data frame.

Choose the way you want to create the sample (Example: Option= 1).

1 = Entering the size of each category
2 = Enter the probabilities by categories
3 = Go out
Option=2
Enter the number of categories=5
Category probability 1 =0.25
Category probability 2 =0.35
Category probability 3 =0.20
Category probability 4 =0.15
Category probability 5 =0.05
Enter the sample size =8000
```

Figura 3 7: Generación de datos politémicos aleatorios a través del número de categorías y probabilidades.

2. Elija el número de observadores y la precisión mínima de cada uno de ellos.

```
Console ~/Modulos maestria/Tesis estadística master/Pruebe la función/
1 = Entering the size of each category
2 = Enter the probabilities by categories
3 = Go out
Option=1
Enter the number of categories =5
Categories 1 =200
Categories 2 =300
Categories 3 =400
Categories 4 =20
Categories 5 =1

This phase allows you to generate several observers defining the
accuracy of each one in relation to the gold standard between 0 and 1
Enter the number of observers =3
Minimal accuracy of the observer(0-1) 1 =0.9
Minimal accuracy of the observer(0-1) 2 =0.7
Minimal accuracy of the observer(0-1) 3 =0.5
```

Figura 3 8: Especificación del número de observadores y su precisión de clasificación.

3. Automáticamente se realizará el análisis por el método frecuentista, y bayesiano con el modelo escogido por defecto (Dirichlet- Dirichlet). Además, deberá especificar si desea asumir que todas las categorías son equiprobables o desea ingresar una probabilidad específica para las clases en las priori.

```

You want to perform a Bayesian analysis assuming that all categories
are equiprobable.

1= Yes
2= Not
> 1

Enter the probability of the category 1 =0.25
Enter the probability of the category 2 =0.15
Enter the probability of the category 3 =0.10
Enter the probability of the category 4 =0.40
Enter the probability of the category 5 =0.10|

```

Figura 3 9: Elección del análisis bayesiano incluyendo información a priori.

Deberá escoger la opción de salida de las gráficas de densidad del índice Kappa, el caso 1 le permite únicamente seleccionar una pareja específica.

```

Console ~/Modulos maestria/Tesis estadistica master/Pruebadela funcion/
Graph information.
Observed stochastic nodes: 2763
Unobserved stochastic nodes: 3
Total graph size: 2782

Initializing model
|*****| 100%
|*****| 100%

Choose what graph you want to obtain.
1 = Kappa density graphics between 2 observers
2 = Graphics Kappa density of all possible pairs of observers
3 = Go out
Option=1
Enter the first column to be analyzed=1
Enter the second column to be analyzed=2|

```

Figura 3 10: Elección de grafica de densidad kappa entre un par de observadores.

Al igual deberá escoger la pareja para la que se desea realizar un diagnóstico de convergencia y test de estacionariedad. En el ejemplo citado tenemos cuatro observadores incluyendo el *gold estándar*:

Observadores:

- 1 con 2 = pareja 1
- 1 con 3 = pareja 2
- 1 con 4 = pareja 3
- 2 con 3 = pareja 4
- 2 con 4 = pareja 5
- 3 con 4 = pareja 6

```

From the chosen option you will obtain Diagnosis of
convergence of Gelman Rubin, by Raftery-Lewis and
stationarity test of Cramer Von Mises.

1 = Analysis of specific observer pair
2 = Analysis of all possible pairs of observers
3 = Go out
Option=1
Enter the partner you want to analyze=1|

```

Figura 3 11: Elección de análisis de convergencia y test de estacionariedad entre un par de observadores.

Si prefiere la opción 2 tanto en graficas del índice kappa como en el diagnóstico de convergencia y test de estacionariedad, el programa realizará el análisis de todos los pares posibles de acuerdo al número de observadores.

```

Console ~/Modulos maestria/Tesis estadistica master/Pruebad la funcion/
|*****| 100%
|*****| 100%

Choose what graph you want to obtain.

1 = Kappa density graphics between 2 observers
2 = Graphics Kappa density of all possible pairs of observers
3 = Go out
Option=2

From the chosen option you will obtain Diagnosis of
convergence of Gelman Rubin, by Raftery-Lewis and
stationarity test of Cramer Von Mises.

1 = Analysis of specific observer pair
2 = Analysis of all possible pairs of observers
3 = Go out
Option=2

```

Figura 3 12: Graficas, análisis de convergencia y estacionariedad entre todos los pares de observadores.

4. Finalmente se generan los resultados y únicamente en el caso `data=FALSE` se tendrá esta opción adicional que permite cambiar el tamaño de la muestra las veces deseadas, manteniendo las probabilidades de cada categoría intactas. En cada cambio de la muestra deberá pasar nuevamente por las opciones del paso 3.

```

Console ~/Modulos maestria/Tesis estadistica master/Pruebad la funcion/

You want to change the sample size and get the same results

1 = Yes
2 = Not
Option=1
Indicate the number of times you want to change the sample = 2
Sample size = 500

```

Figura 3 13: Análisis de concordancia con cambio del tamaño de muestra.

Para el caso que se desee analizar una base de datos específica de tipo “dataframe”, deberá ubicar el *gold estándar* en la primera columna y escribir el nombre del archivo en `data`. En la consola únicamente se deberá seguir el paso 3.

```

9
10 # Base de datos requerida
11 datos <- read.csv("Prueba.csv", header = TRUE, sep = ",")
12
13 b <- K_Freq_Bay(data=datos, setseed=1234, num_mult=1000, burn_in=1000, chains=2, updat=1000)
14

```

Figura 3 14: Análisis de concordancia utilizando una base de datos externa.

Outputs

Como resultado del análisis se obtienen:

- Gráfica de frecuencias en relación al número de categorías por observador.

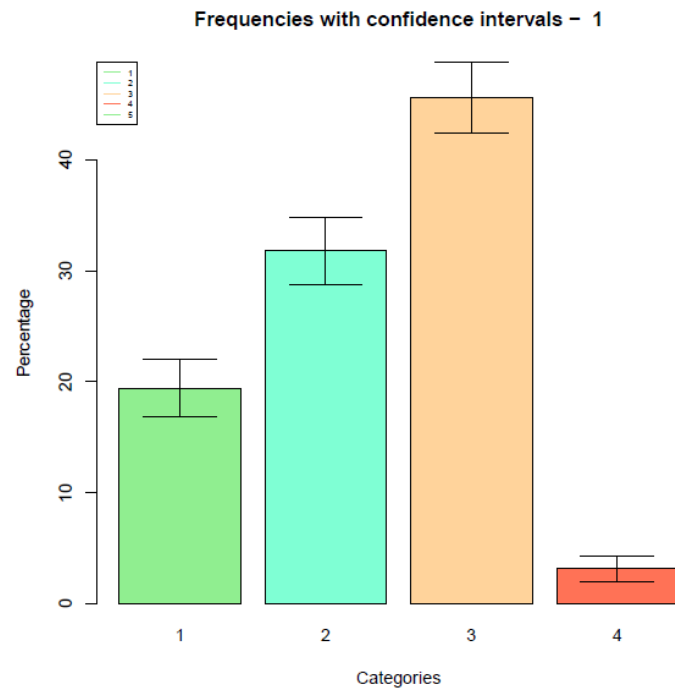


Figura 3 15: Gráfica de categorías según el porcentaje.

- Gráficas de densidad kappa frecuentista VS kappa bayesiano.

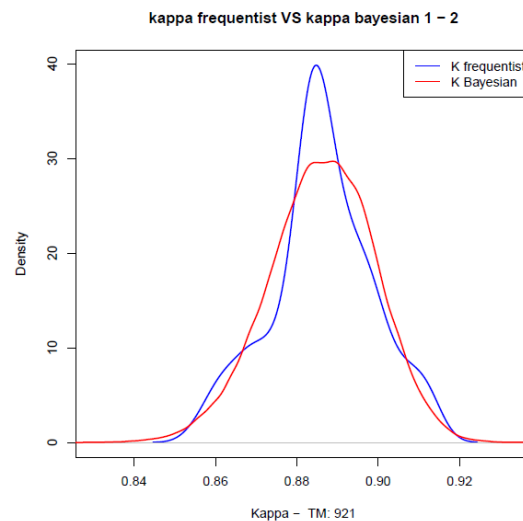


Figura 3 16: Gráfica de densidad kappa frecuentista y bayesiano.

- Gráficas de autocorrelación y diagnóstico de convergencia de las cadenas de Markov.

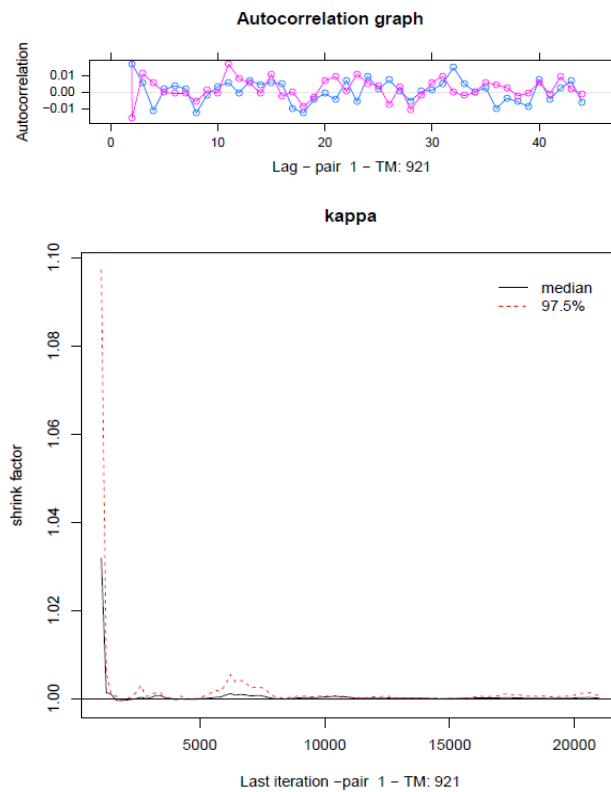


Figura 3 17: Gráfica de autocorrelación y diagnóstico de convergencia de Gelman Rubin.

- Informe final de estadísticas generales del método frecuentista y bayesiano.

	1 - 2	1 - 3	1 - 4	2 - 3	2 - 4	3 - 4
Frequentista report						
Accuracy	0.925081	0.767644	0.605863	0.722041	0.605863	0.484266
AccuracyLower	0.90614	0.738993	0.573463	0.691886	0.573463	0.451532
AccuracyUpper	0.941244	0.794571	0.637584	0.750768	0.637584	0.517081
AccuracyNull	0.456026	0.456026	0.456026	0.432139	0.432139	0.388708
AccuracyPValue	0	0	0	0	0	0
McNemarPValue	3.1e-05	0	0	4e-06	0	3.9e-05
unweighted KappaLower	0.862243	0.626496	0.418932	0.564653	0.423625	0.269164
Kappa	0.88734	0.664154	0.45816	0.603766	0.463001	0.309135
unweighted KappaUpper	0.912437	0.701811	0.497387	0.642879	0.502376	0.349106
Bayesian report						
Bayesian KappaLower	0.859119	0.623814	0.413968	0.561699	0.419026	0.265117
Bayesian Kappa	0.886711	0.664109	0.458549	0.604092	0.463346	0.309623
Bayesian KappaUpper	0.910566	0.703111	0.502206	0.644567	0.506634	0.353702
Skewness BayesianKappa	-0.23415	-0.066531	-0.027172	-0.073976	-0.035669	-0.00345
Kurtosis BayesianKappa	0.127051	0.009028	-0.047945	0.007871	-0.030209	0.032539
DIC	0	0	0	0	0	0
Stationarity p-value						
cad1	0.379229	0.499321	0.084387	0.062854	0.674775	0.179024
cad2	0.133534	0.530529	0.22389	0.293337	0.033431	0.591749
Sensitivity - Frequentista						
Class: 1	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
Class: 2	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
Class: 3	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
Class: 4	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
Class: 5	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05
Especificity - Frequentista						
Class: 1	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
Class: 2	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
Class: 3	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
Class: 4	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
Class: 5	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05

Figura 3 18: Reporte final del análisis de concordancia con el método frecuentista y bayesiano.

- La función devuelve una lista que contiene:
 1. Reporte de Gelman Rubin, Raftery Lewis y Cramer Von Mises.
 2. Reporte final de las estadísticas generales.
 3. Reporte final en caso de cambios de tamaño muestral.

3.6 Pruebas preliminares de la librería **KFreqBay** y análisis de sensibilidad

Una vez desarrollado la función `K_Freq_Bay()` es momento de realizar las pruebas respectivas que permitan evaluar la precisión y sensibilidad de la estimación puntual del índice kappa bayesiano ante el método frecuentista, permitiendo validar los modelos planteados al obtener predicciones razonables y además reconocer que parámetros en la distribución a priori que afectan más a los resultados procurando así tratar con soluciones robustas..

A continuación, se presenta la simulación de 3 observadores con un *gold estándar* que poseen 5 categorías cada una con una frecuencia de 200,300,400,20,1 respectivamente. Para el segundo caso se trabajó con 9000 datos utilizando la opción final de la función `K_Freq_Bay()` que permite cambiar el tamaño muestral ocupando la misma probabilidad y categorías del grupo de datos simulados inicialmente. En los modelos bayesianos las pruebas fueron realizadas en dos escenarios, la primera asumiendo equiprobabilidad y la segunda adicionando información de prevalencia a la distribución a priori: 0.15,0.40,0.05,0.20,0.20 por categoría respectivamente. Los resultados totales se pueden observar en el apéndice B.

MÉTODO FRECUENTISTA										
TAMAÑO MUESTRAL	PAR DE OBSER.	KAPPA LOWER	KAPPA	KAPPA UPPER	ACCURACY	PAR DE OBSER.	KAPPA LOWER	KAPPA	KAPPA UPPER	ACCURACY
921	1-2	0.8622	0.8873	0.9124	0.9251	1-4	0.4189	0.4585	0.5021	0.6058
9000	1-2	0.8720	0.8802	0.8885	0.92	1-4	0.4401	0.4587	0.4656	0.6029

Tabla 3 1: Resultado del método frecuentista en pruebas preliminares.

MÉTODO BAYESIANO														
TAMANO MUESTRAL	MODELO	PAR DE OBSER.	KAPPA LOWER	KAPPA	KAPPA UPPER	P-VALOR 2 CHAIN	DIC	PAR DE OBSER.	KAPPA LOWER	KAPPA	KAPPA UPPER	P-VALOR 2 CHAIN	DIC	CATEGORIAS EQUIPROBABLES
921	DI-DI	1-2	0.8591	0.8867	0.9106	(0.37;0.13)	4938.50	1-4	0.4133	0.4586	0.5021	(0.92;0.77)	6159.76	SI
921	DI-DI	1-2	0.8590	0.8864	0.9104	(0.33;0.41)	4936.89	1-4	0.4135	0.4581	0.5019	(0.97;0.74)	6158.16	NO
921	DI-MUL	1-2	0.8030	0.9084	0.9339	(0.64;0.30)	491.309	1-4	0.0052	0.5304	0.6155	(0.50;0.97)	1236.17	SI
921	DI-MUL	1-2	-2.7271	0.9120	0.9372	(0.60;0.72)	491.30	1-4	-19.358	0.5611	0.6288	(0.02;0.44)	1236.16	NO
921	BE-BE	1-2	0.9062	0.9244	0.9404	(0.27;0.05)	491.31	1-4	0.6921	0.7217	0.7496	(0.69;0.15)	1236.18	SI
921	BE-BE	1-2	0.9061	0.9245	0.9404	(0.43;0.96)	491.33	1-4	0.5736	0.6057	0.6370	(0.60;0.71)	1236.18	NO
9000	DI-DI	1-2	0.8716	0.8802	0.8884	(0.95;0.89)	48416.70	1-4	0.4387	0.4530	0.4672	(0.25;0.10)	59943.76	SI
9000	DI-DI	1-2	0.8718	0.8802	0.8884	(0.34;0.70)	48416.70	1-4	0.4387	0.4529	0.4669	(0.89;0.74)	59943.73	NO
9000	DI-MUL	1-2	0.7984	0.9047	0.9215	(0.20;0.39)	5018.85	1-4	0.0070	0.5269	0.6017	(0.34;0.45)	12093.81	SI
9000	DI-MUL	1-2	-2.7848	0.9108	0.9239	(0.84;0.88)	5018.83	1-4	-18.543	0.5611	0.6095	(0.90;0.16)	12093.80	NO
9000	BE - BE	1-2	0.9142	0.9199	0.9254	(0.17;0.56)	5018.85	1-4	0.5927	0.6028	0.6130	(0.06;0.26)	12093.82	SI
9000	BE-BE	1-2	0.9142	0.9200	0.9255	(0.11;0.09)	5018.85	1-4	0.5928	0.6029	0.6128	(0.92;0.14)	12093.80	NO

Tabla 3 2: Resultados del método bayesiano en pruebas preliminares y análisis de sensibilidad de la librería KFreq Bay.

A través de los resultados obtenidos se concluye que el mejor modelo es el Dirichlet- Multinomial basándose en el criterio de información DIC, pero se observa una gran inestabilidad al momento de adicionar información a la distribución a prior incrementando excesivamente el intervalo de credibilidad. El modelo Beta–Beta con un DIC muy similar a modelo DI-Mul posee la diferencia de tener un intervalo de credibilidad muy estrecho que le permite ser demasiado restrictivo. Por último, el modelo Dirichlet – Dirichlet posee un DIC más alto, pero demuestra mayor estabilidad en ambos escenarios, además es el modelo que menor error de estimación puntual posee en relación al método frecuentista, por lo cual tomando en cuenta que DIC evalúa la complejidad del modelo y además que no realiza una cross validation se asumirá como el mejor modelo.

Analizando la curtosis (medida de apuntalamiento de la forma de la distribución de frecuencias/probabilidad) en cada caso a través del informe final y gráficas de densidad kappa se puede señalar: (véase Apéndice B)

- Di-Di.- Posee una curtosis ≈ 0 por lo tanto es mesocúrtica (muy cercano a una normal).
- Di-Mul. - Su curtosis es totalmente elevada, convirtiéndose en leptocúrtica (más apuntalada y menos colas gruesas que la normal).
- Be – Be. - Tiene curtosis con casos mayor y menor a 0, manteniéndolo entre platicúrtica y leptocúrtica.

Es importante recalcar que en los casos simulados todas las cadenas convergen, tomando como parámetro de concordancia el índice kappa debido al desequilibrio de las categorías en los ejemplos planteados. La diferencia entre la precisión y el índice kappa aumenta mientras los observadores son más discordantes, generando mayor credibilidad y efectividad en casos desbalanceados.

Capítulo IV

Aplicación de la librería KFreqBay en la clasificación de células leucémicas en sangre periférica – Hospital Clinic

Este capítulo detallará en primera instancia los conceptos biomédicos básicos relacionados con las células leucémicas de sangre periférica: células sanguíneas, sistema inmune – células linfoides y mieloides y leucemias: tipos y clasificación. Se presentará un breve antecedente del grupo de investigación Cellsilab y se especificará características de los datos a ser analizados.

Finalmente, mediante la librería KFreqBay se realizará el análisis de concordancia por el método frecuentista y bayesiano a la base de datos de leucemias proporcionada por Cellsilab, especificando únicamente resultados gráficos entre el *gold estándar* y los seis clasificadores, así como el reporte final incluyendo todos los posibles pares de clasificadores.

4.1 Conceptos básicos

4.1.1 Células Sanguíneas

Se desarrollan en la sangre periférica y en la médula ósea a partir de las células madre que poseen la capacidad de autorreplicarse por periodos indefinidos dando lugar a 3 tipos de células diferentes (glóbulos rojos, glóbulos blancos y plaquetas) y además subdividiendo una de ellas en diferentes linajes con características y funciones especiales(Pardo, Vivana, & Merino, 2005).

El Centro Regional de Transfusión Sanguínea y Banco Sectorial de Tejidos de Granada y Almería señala algunas características y definiciones de los 3 tipos de células mencionados anteriormente (Centro Regional de Transfusión Sanguínea de Granada y Almería, 2018).

4.1.1.1 Glóbulos rojos (hematíes)

Son las células sanguíneas más numerosas encargadas de transportar el oxígeno de los pulmones a los tejidos y a su vez llevar de vuelta el dióxido de carbono hacia los pulmones para su eliminación. Poseen una forma de disco bicóncavo, su color rojo se debe a la presencia de una proteína en su interior llamada hemoglobina y se forman en la medula ósea (Véase Figura 4.1).



Figura 4 1: Glóbulos Rojos

4.1.1.2 Glóbulos blancos (leucocitos)

Se generan en la médula ósea y sistema linfático, tienen la función de proteger el organismo de infecciones y sustancias extrañas que ingresen a él (aumentan en número con el fin de mejorar las defensas). A diferencia de los glóbulos rojos estos poseen núcleo y se encuentra subdividido en 5 tipos: neutrófilos, linfocitos, monocitos, eosinófilos y los basófilos. Además, su vida media es de 12 horas a diferencia de los glóbulos rojos que es de 120 días (Véase Figura 4.2).

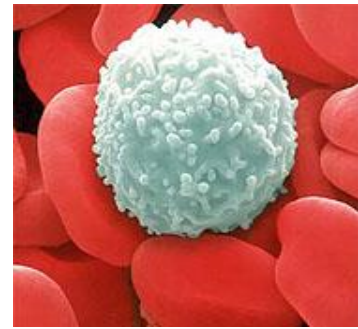


Figura 4 2 Glóbulos Blancos.

4.1.1.3 Plaquetas (trombocitos)

Previenen pequeñas hemorragias que se producen habitualmente en arterias, venas y capilares a través de la formación de coágulos. Tienen una vida media de 6 a 7 días y se desarrollan debido a la estimulación en la médula ósea de la hormona trombopoyetina (Véase Figura 4.3).



Figura 4 3:Plaquetas.

4.1.2 Sistema inmune - células linfoides y mieloides

El sistema inmune está conformado por una serie de órganos, tejidos y células. Los órganos están conectados entre sí mediante vasos sanguíneos y linfáticos (transporta principalmente linfocitos), se encuentran clasificados en primarios y secundarios. Los primeros proporcionan un ambiente adecuado para la maduración de los linfocitos mientras que los segundos capturan microorganismos generando un ambiente adecuado para que los linfocitos interactúen entre sí.

El tejido se localiza en el bazo, ganglios linfáticos, en el timo y en la médula ósea, tiene la función principal de producir células sanguíneas.

En el sistema inmune los leucocitos son los encargados de una respuesta inmunitaria y poseen dos grandes grupos de células reactivas dependiendo de sus linajes de procedencia:

- *Células linfoides.* - Poseen un tamaño aproximado de 6µm y produce linfocitos tipo B originados en la médula ósea (reconocen al antígeno en forma soluble), tipo T producidos en el timo (intervienen en la respuesta celular) y las células NK denominadas asesinas naturales (realizan la acción citotóxica y reguladora del sistema inmune).
- *Células Mieloides.* – Tienen la funcionalidad de destruir gérmenes que invaden a los diferentes tejidos. Se dividen en monocitos, granulocitos y además su linaje lo comparte también con los glóbulos rojos y plaquetas. Los granulocitos tienen una vida corta y se subdividen en: neutrófilos, eosinófilos y basófilos (Láñez Pareja, 1999).

La Figura 4.4 nos permite evidenciar de forma clara los diferentes linajes que se producen partiendo de una célula madre.

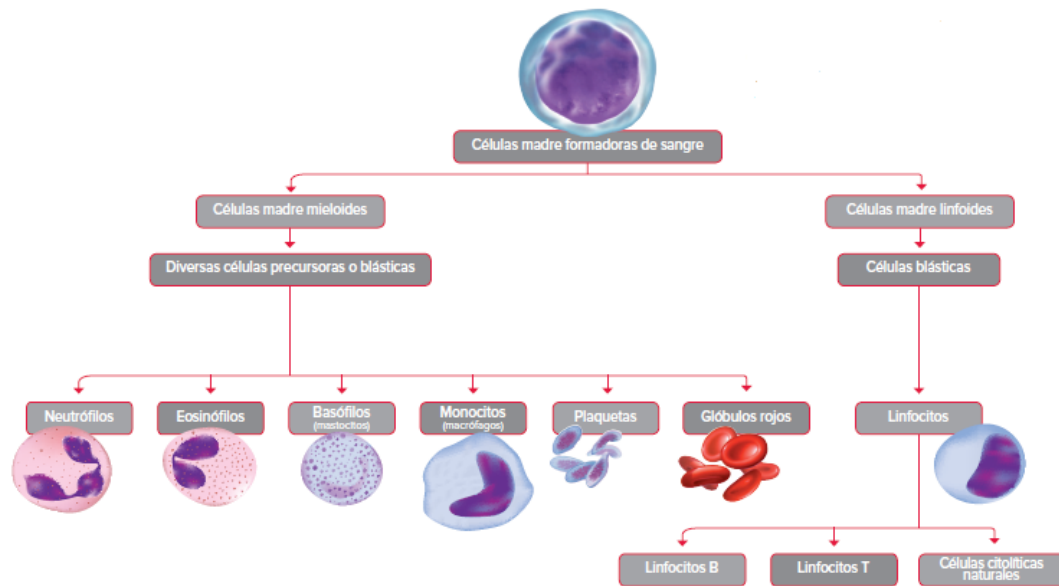


Figura 4 4: Clasificación de las células sanguíneas(Leukemia & Lymphoma Society, s. f.)

4.1.3 Leucemia

La leucemia es un cáncer de los glóbulos blancos producido en el tejido hematopoyético como la médula ósea. Defectos en el material genético celular que alteran su división y permite su reproducción de manera incontrolada generan las células leucémicas, las cuales reemplazan a los glóbulos blancos, disminuyendo la cantidad de oxígeno que llega a los tejidos impidiendo así que cumplan su función específica en el combate de infecciones dentro del organismo generando además un déficit en el número de leucocitos normales, hematíes y plaquetas (MedlinePlus,2018).

4.1.3.1 Tipos de leucemias

La Asociación Española de Afectados por Linfoma, Mieloma y Leucemia señala 4 tipos de leucemias en función de la rapidez en la que se producen y empeora la enfermedad (aguda y crónica) y de acuerdo al tipo de células afectadas (linfoides y mieloides):

- *Leucemia mieloide aguda (LAM).* - Se presenta generalmente en personas a partir de los 65 años.
- *Leucemia mieloide crónica (LCM).* – Más del 50% de pacientes tienen edades entre 65 años o más.
- *Leucemia linfocítica aguda (LAL).* – Se muestra fundamentalmente en niños y adolescentes.
- *Leucemia linfocítica crónica (LCL).* – La mayor cantidad de personas afectadas poseen más de 65 años.

La leucemia aguda es muy rápida y se genera por una función anómala de la médula ósea, en cambio en la crónica su evolución es lenta, pero en fases avanzadas se convierte en aguda. La leucemia mieloide se origina en la médula ósea mientras que la linfocítica se desarrolla en los ganglios linfáticos y suele afectar al bazo, médula ósea y la propia sangre (Asociación Española de Afectados por Linfoma, Mieloma y Leucemia, 2014).

4.1.3.2 Clasificación de la leucemia mieloide aguda (LAM)

Leyto Cruz en su artículo publicado en la Revista de Hematología señala que los dos tipos más utilizados de clasificaciones de LAM son:

- Clasificación de la Asociación Franco Américo – Británica (FAB).
- Sistema de la Organización Mundial de Salud. Tienen en cuenta la morfología de las células leucémicas, el inmunofenotipo, la citogenética y la genética molecular.

Debido a su simplicidad se detallará la clasificación FAB, la cual describe la siguiente subdivisión. (Asociación Española de Afectados por Linfoma, Mieloma y Leucemia, 2014)

SUBTIPO	NOMBRE
M0	Leucemia mieloide aguda indiferenciada.
M1	Leucemia mieloide aguda con diferenciación mínima.
M2	Leucemia mieloide aguda con maduración.
M3	Leucemia promielocítica aguda.
M4	Leucemia mielomonocítica aguda.
M4eos	Leucemia mielomonocítica aguda con eosinofilia.
M5	Leucemia monocítica aguda.
M6	Leucemia eritroide aguda.
M7	Leucemia megacariobrástica aguda.

Tabla 4 1: Clasificación de la leucemia mieloide aguda -FAB.

4.1.3.3 Clasificación de la leucemia linfocítica aguda (LAL)

Los grandes avances de la tecnología han permitido obtener información más detallada sobre las subdivisiones creadas en LAL, desarrollando nuevas herramientas que han reemplazando en gran medida a la clasificación realizada por FAB (valora en tres aspectos de intensidad cada característica presentada) a una basada en el inmunofenotipo.

Esta técnica de reconocimiento permite clasificar en función del tipo de célula linfocítica del cual procede (B o T) y de su madurez. (American Cancer Society, 2018) (Véase tabla 4.2)

TIPO	MADUREZ	PREVALENCIA APROXIMADA
B	Pro-B temprana.	10% de los casos
B	Común.	50% de los casos
B	Pre – B.	10% de los casos
B	B – maduras (Burkitt)	4% de los casos
T	Pre – T.	5%- 10% de los casos
T	T – maduras.	15% - 20% de los casos

Tabla 4 2: Clasificación de la leucemia linfocítica aguda.

4.2 Antecedentes

El grupo Cellsilab formado por investigadores del Laboratorio CORE del Centro de Diagnóstico Biomédico del Hospital Clínic de Barcelona y del Departamento de Matemáticas de la Universitat Politècnica de Catalunya trabajan en un proyecto de clasificación automática de imágenes digitales de sangre periférica para su aplicación al diagnóstico inicial de leucemias y linfomas.

Desarrollan nuevas herramientas computacionales basadas en el procesamiento de imágenes y el aprendizaje automático, que permiten determinar enfermedades hematológicas graves a través de imágenes digitales obtenidas mediante un microscopio.

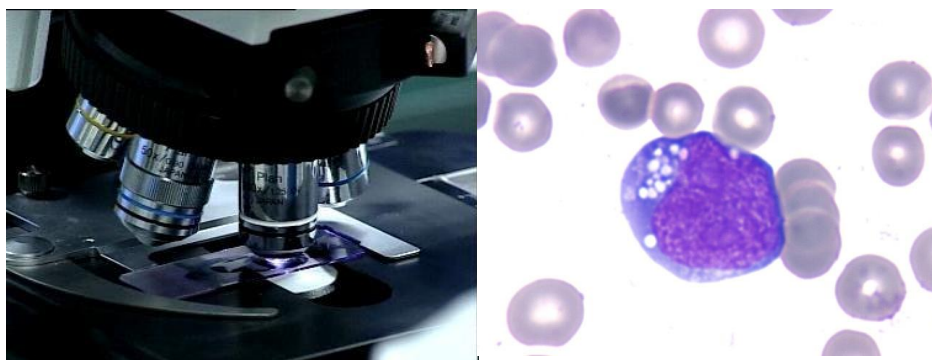


Figura 4 5: Imágenes digitales de células sanguíneas obtenidas por microscopio. (Fundación Goteo, 2014)

Se puede mencionar entre algunos de los trabajos más recientes realizados por Cellsilab:

- Optimizing morphology through blood cell image analysis. – Fundamentado en la detección de células neoplásticas anormales identificadas a través de dispositivos digitales con sus principales características como la geometría el color y la textura que permitan optimizar la morfología a través de técnicas de procesamiento de imágenes (Merino, Puigví, Boldú, Alférez, & Rodellar, 2018).
- Image processing and machine learning in the morphological analysis of blood cells.- Es un trabajo de revisión de los métodos basados en el procesamiento de imágenes celulares capturadas en frotis de sangre periférica mediante métodos de reconocimiento automático para células linfoides malignas y células blásticas (Rodellar, Alférez, Acevedo, Molina, & Merino, 2018).
- Feature analysis and automatic identification of leukemic lineage blast cells. - La base de este estudio parte de la iniciativa de trabajar con clasificadores automáticos como es el caso de SVM con diferentes combinaciones y técnicas de selección de descriptores que les permita mejorar la clasificación o discriminación de células linfoides, mieloides y linfocitos reactivos (Bigorra, Merino, Alférez, & Rodellar, 2017).

El grupo Cellsilab proporcionó la base de datos de 17033 imágenes de células con 2836 características morfológicas pertenecientes a leucémicas agudas de tipo: LAL-B-Burkitt, LAL-B-No_Burkitt, LAL-T, LAM-Mieloide, LAM-Monocítica y LAM-Promielocítica. Además, se incluyen linfocitos reactivos (CLR) que son células obtenidas de pacientes con infecciones víricas, tales como la mononucleosis infecciosa. La base de datos ha sido creada en el marco de la tesis doctoral en Biomedicina de la Universidad de Barcelona que actualmente realiza Laura Boldú titulada “Caracterización y clasificación automática de células blásticas en leucemias”.

identidad	Cantidad por grupo
CLR	1991
LAL -T	188
LAL – B-BURKITT	2519
LAL – B – NO BURKITT	648
LAM_MIELOIDE	9672
LAM_MONOCITICA	1314
LAM_PROMIELOCITICA	3679

Tabla 4 3: Frecuencia inicial de 7 tipos de células leucémicas- Hospital Clínic.

En el mismo marco de dicha tesis y con la colaboración del doctor Santiago Alférez realizaron un proceso de depuración de información y agrupación de los tipos de leucemias en tres grupos: linfoides agudas, la mieloides agudas y promielocítica aguda. De esta forma el conjunto de trabajo está formado por cuatro clases. Mediante análisis de componentes principales (ACP) redujeron a 500 características más significativas. Igualmente se puede indicar que una de las técnicas aplicadas para balancear los datos es el Upsampling y Downsampling

Mediante procesos de clasificación aplicando varios métodos en la aplicación informática Phyton y trabajando con el 75% de datos para training y 25% para test, el grupo Cellsilab proporcionó los resultados de 6 clasificadores y el *gold estándar* que es del 100% comprobado a través de pruebas médicas realizadas a los pacientes de los cuales se obtuvieron los frotis de sangre periférica. Los algoritmos de aprendizaje supervisado utilizados fueron:

- Análisis discriminante lineal (LDA) con clases desbalanceadas.
- Análisis discriminante lineal (LDA) con clases balanceadas.
- Support Vector Machine (SVM) con clases desbalanceadas.
- Support Vector Machine (SVM) con clases balanceadas.
- Random Forest (RF) con clases desbalanceadas.
- Random Forest (RF) con clases balanceadas.

La tabla 4.4 representa la frecuencia de las cuatro clases pertenecientes al 25% utilizado para validar los clasificadores.

identidad	Cantidad por grupo
CLR	338
LAL	521
LAM_MIELOIDE	2839
LAM_PROMIELOCÍTICA	667

Tabla 4 4: Frecuencia final de 4 clases de células leucémicas- Hospital Clínic.

4.3 Aplicación de la librería KFreqBay a la clasificación de células leucémicas en sangre periférica – Hospital Clínic.

La clasificación de los 4365 datos obtenidos a través de los algoritmos de aprendizaje será sometida al library K_Freq_Bay utilizada para conocer de manera esencial el acuerdo entre clasificadores y el *gold estándar* y en forma secundaria entre los diferentes pares posibles. El método aplicado es el cálculo del índice kappa tanto para el análisis frecuentista, como para el bayesiano conociendo que se trabaja con clases desequilibradas.

Con el fin de ejemplificar el caso se codifican las cuatro categorías:

- CLR = L1
- LAL = L2
- LAM_MIELOIDE = L3
- LAM_PROMIELOCITICA = L4

CT = Representa que el clasificador dio una interpretación positiva de la célula cuando era correcta.

CF = Representa que el clasificador dio una interpretación negativa de la célula cuando era incorrecta.

Basados en las ecuaciones 2.12 y 2.13 se puede decir:

$$Sensibilidad = \left(CT | \left(\sum_{j=1}^k L_j - Li \right) \right) \quad Especificidad = \left(CF | \left(\sum_{j=1}^k L_j - Li \right) \right)$$

Según el teorema de Bayes (Ec. 2.23):

$$\pi(L_j|CT) = \frac{P(L_j)P(CT|L_j)}{\sum_{j=1}^k P(L_j)P(CT|L_j)} \quad \pi(L_j|CF) = \frac{P(L_j)P(CF|L_j)}{\sum_{j=1}^k P(L_j)P(CF|L_j)}$$

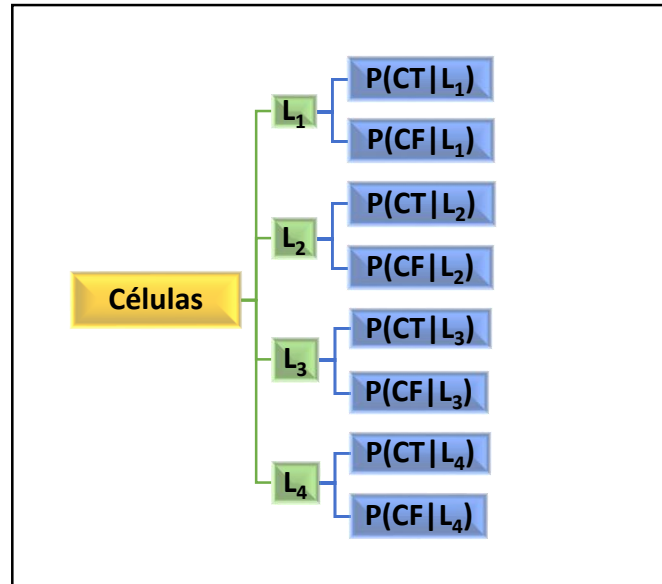


Figura 4 6: Teorema de Bayes aplicado a datos de células leucémicas.

A continuación, se detallará para cada caso posible la distribución posterior aplicando el teorema de Bayes:

En células linfocíticas reactivas (CLR)

$$\pi(L_1|CT) = \frac{P(L_1)P(CT|L_1)}{P(L_1)P(CT|L_1) + P(L_2)P(CT|L_2) + P(L_3)P(CT|L_3) + P(L_4)P(CT|L_4)}$$

$$\pi(L_1|CF) = \frac{P(L_1)P(CF|L_1)}{P(L_1)P(CF|L_1) + P(L_2)P(CF|L_2) + P(L_3)P(CF|L_3) + P(L_4)P(CF|L_4)}$$

En células leucémicas linfocíticas agudas (LAL)

$$\pi(L_2|CT) = \frac{P(L_2)P(CT|L_2)}{P(L_1)P(CT|L_1) + P(L_2)P(CT|L_2) + P(L_3)P(CT|L_3) + P(L_4)P(CT|L_4)}$$

$$\pi(L_2|CF) = \frac{P(L_2)P(CF|L_2)}{P(L_1)P(CF|L_1) + P(L_2)P(CF|L_2) + P(L_3)P(CF|L_3) + P(L_4)P(CF|L_4)}$$

En células leucémicas mieloides agudas (LAM)

$$\pi(L_3|CT) = \frac{P(L_3)P(CT|L_3)}{P(L_1)P(CT|L_1) + P(L_2)P(CT|L_2) + P(L_3)P(CT|L_3) + P(L_4)P(CT|L_4)}$$

$$\pi(L_3|CF) = \frac{P(L_3)P(CF|L_3)}{P(L_1)P(CF|L_1) + P(L_2)P(CF|L_2) + P(L_3)P(CF|L_3) + P(L_4)P(CF|L_4)}$$

En células leucémicas mieloides agudas promielocítica (LAM -PROMIELOCÍTICA)

$$\pi(L_4|CT) = \frac{P(L_4)P(CT|L_4)}{P(L_1)P(CT|L_1) + P(L_2)P(CT|L_2) + P(L_3)P(CT|L_3) + P(L_4)P(CT|L_4)}$$

$$\pi(L_4|CF) = \frac{P(L_4)P(CF|L_4)}{P(L_1)P(CF|L_1) + P(L_2)P(CF|L_2) + P(L_3)P(CF|L_3) + P(L_4)P(CF|L_4)}$$

El análisis grafico únicamente se realizará comparando entre el *gold estándar* y los 6 clasificadores, mientras que las demás posibilidades (reportes con todos los modelos) pueden encontrarse en el apéndice C. La Figura 4.7 representa la estructura de los datos de leucemias entregado por Cellsilab.

	TRUE.	LDA	LDA_BALANCED	SVM	SVM_BALANCED	RF	RF_BALANCED
1	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE
2	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE
3	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAL
4	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE
5	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAL	LAL	LAL	LAL
6	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE	LAM_MIELOIDE

Figura 4 7: Base de datos Leucemias – Hospital Clínic.

Aplicando la función con los parámetros por defecto se obtuvo en primera instancia las características de cada clasificación en función de sus clases, pudiendo observar que existe un desequilibrio en las categorías (véase Figuras 4.8 a 4.14).

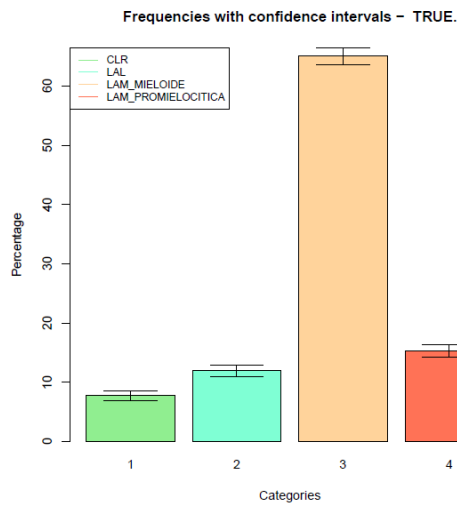


Figura 4 8: Gráfica de frecuencias - TRUE.

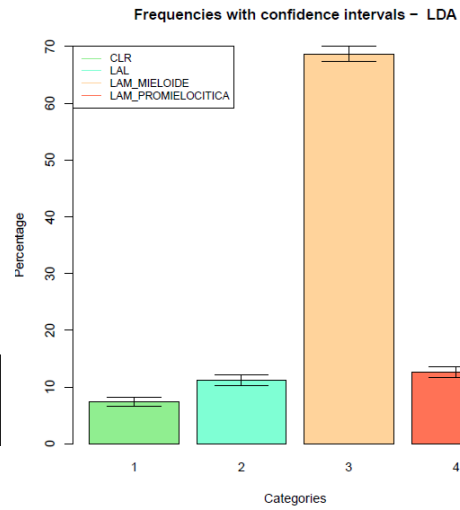


Figura 4 9: Gráfica de frecuencias- LDA.

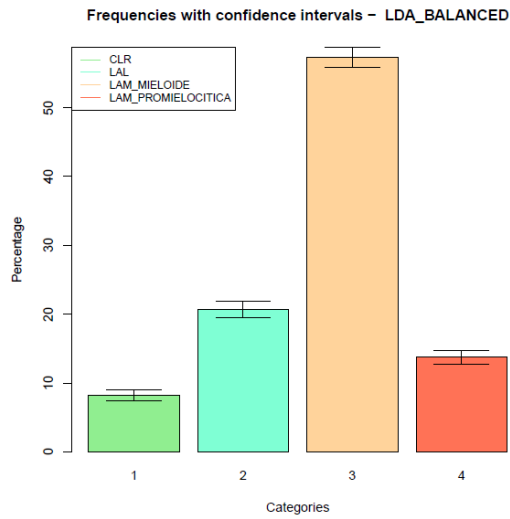


Figura 4 10: Gráfica de frecuencias-LDA Balanceado.

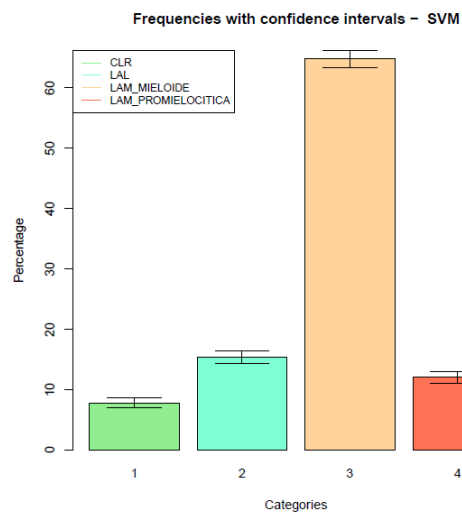


Figura 4 11: Gráfica de frecuencias -SVM.

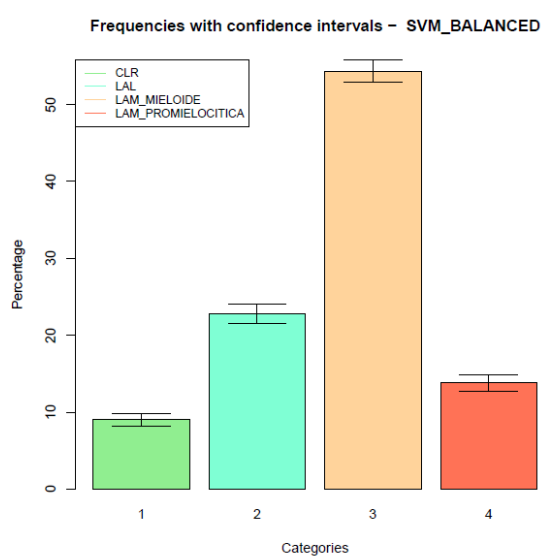


Figura 4 12: Gráfica de frecuencias- SVM Balanceado.

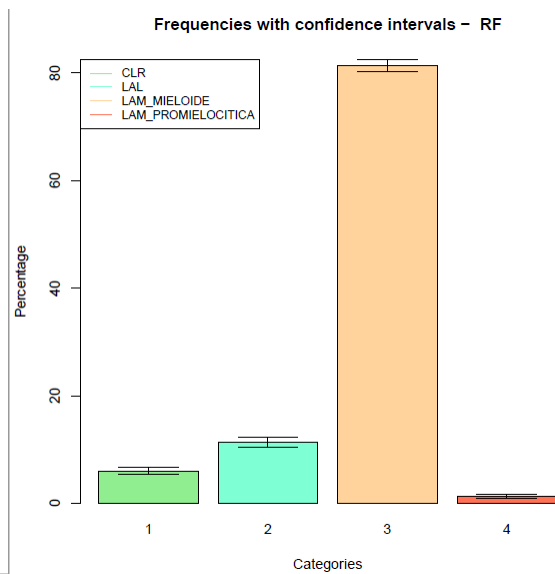


Figura 4 13: Gráfica de frecuencias- RF.

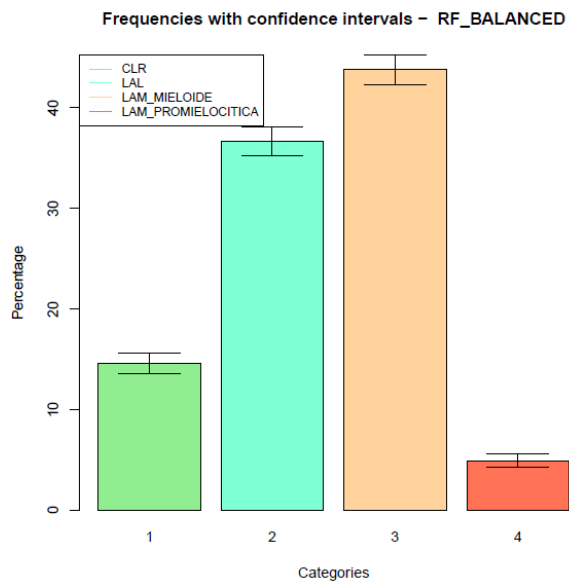


Figura 4 14: Gráfica de frecuencias- RF Balanceado.

Seguidamente se obtuvo las gráficas de densidad de kappa frecuentista versus kappa bayesiano.

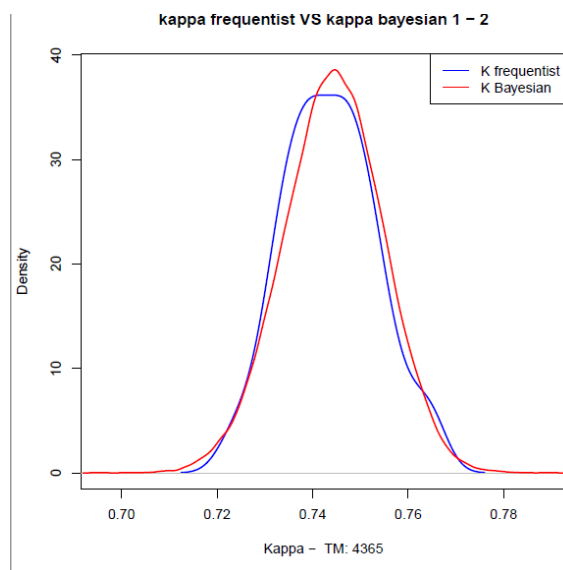


Figura 4 15: Gráfica de densidad kappa –Observ:1-2

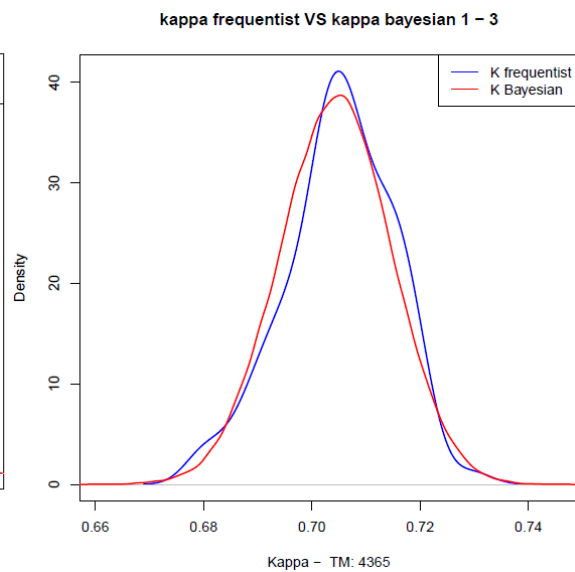


Figura 4 16: Gráfica de densidad kappa –Observ:1-3

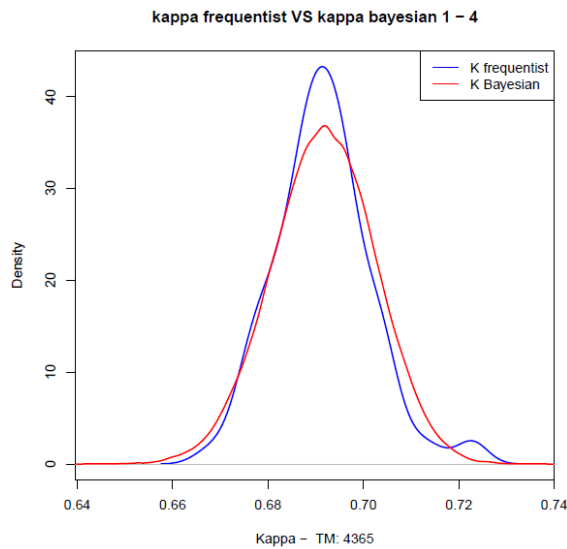


Figura 4 17: Gráfica de densidad kappa – Observ:1-4

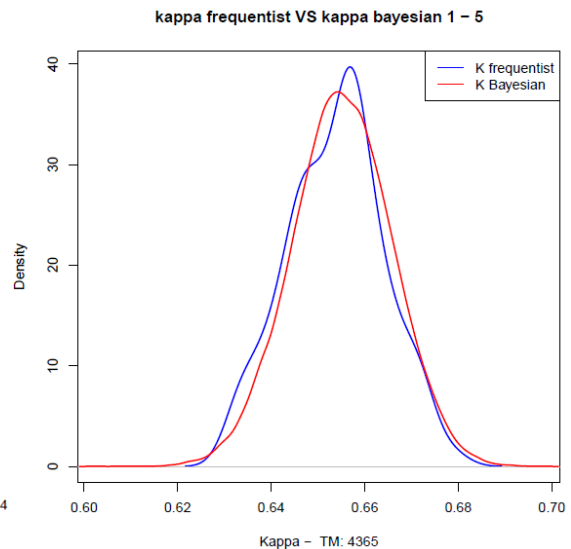


Figura 4 18: Gráfica de densidad kappa – Observ:1-5

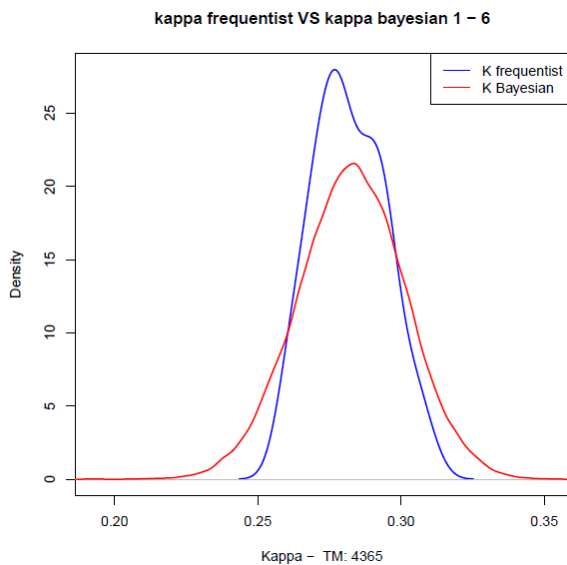


Figura 4 19: Gráfica de densidad kappa – Observ:1-6

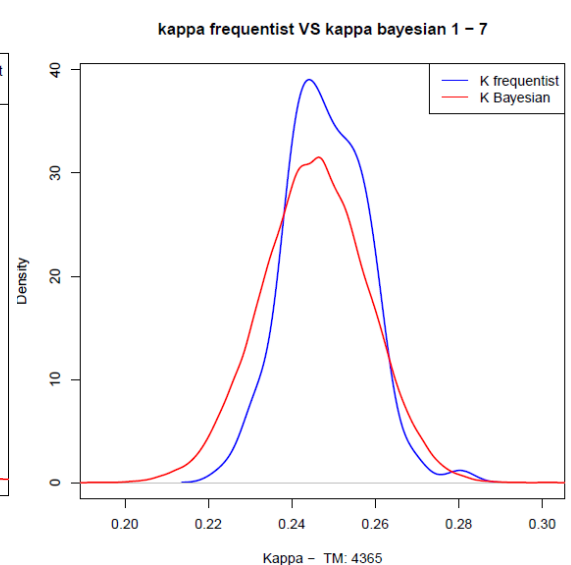


Figura 4 20 Gráfica de densidad kappa – Observ:1-7

Se puede observar un ligero crecimiento de intervalo de credibilidad en la distribución posterior kappa, considerando que un intervalo de credibilidad del 95% para θ (parámetro) es un intervalo donde se tiene una probabilidad igual a 0.95 de que contenga a θ . Mientras existe un mayor apuntalamiento de la densidad frecuentista, concluyendo que se encuentran muy solapados por lo cual existe un buen panorama en la estimación del parámetro puntual. Se encuentran mejores resultados en los algoritmos LDA y SVM.

A continuación, se procede a obtener las gráficas de autocorrelación y diagnóstico de convergencia de las cadenas de Markov, utilizando los estadísticos de Gelman y Rubin.

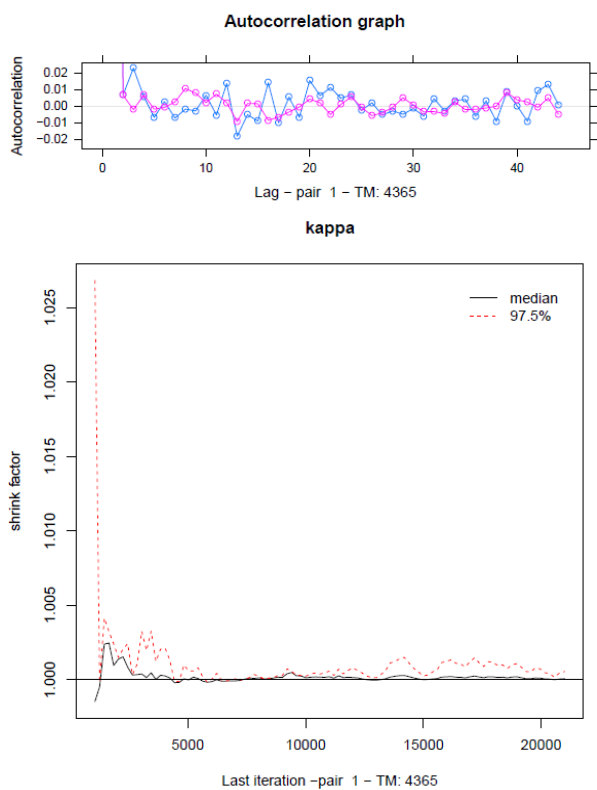
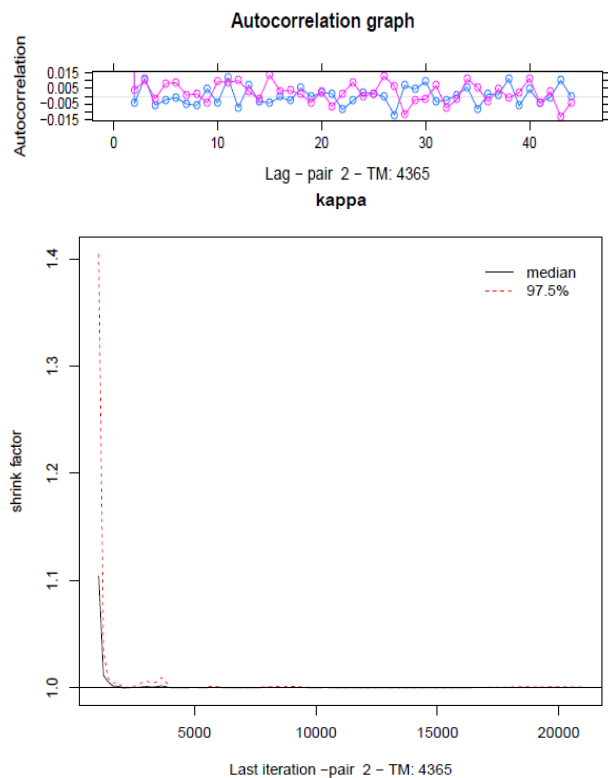


Figura 4 21:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-2.



Figur4 22:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-3.

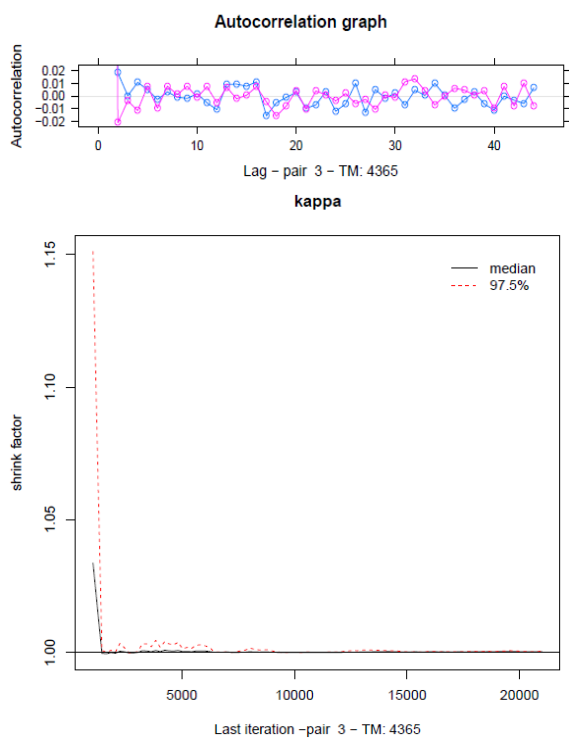


Figura 4 23:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-4.

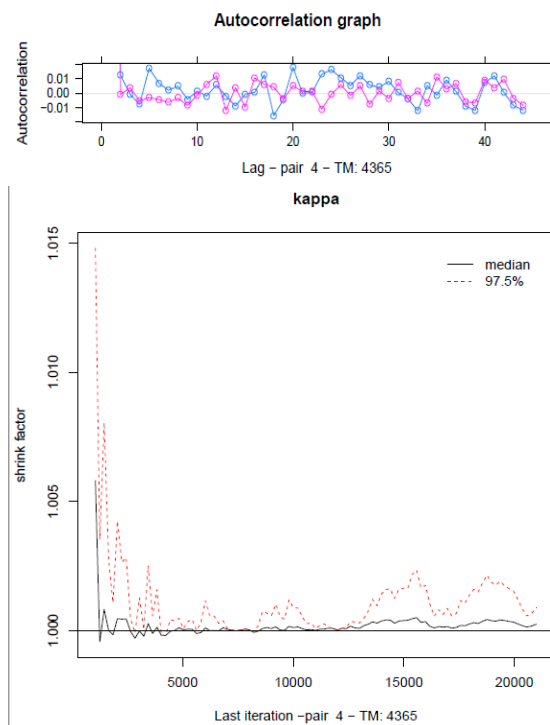


Figura 4 24:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-5.

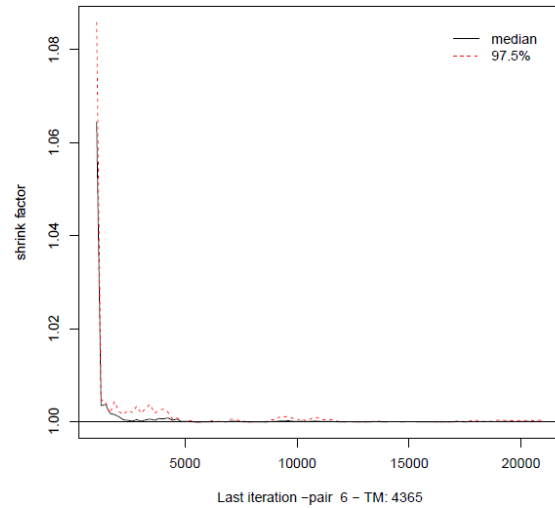
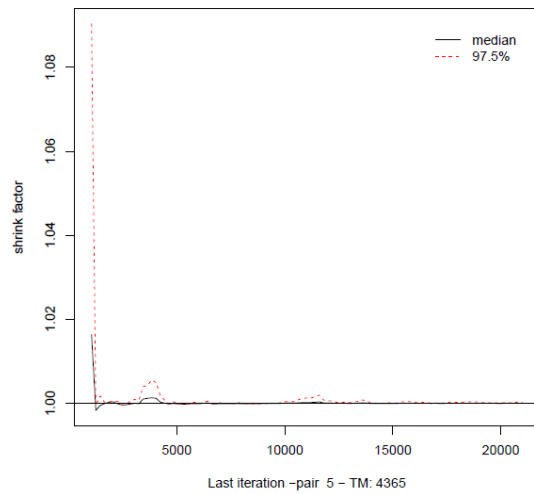
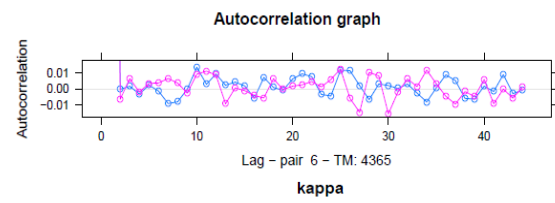
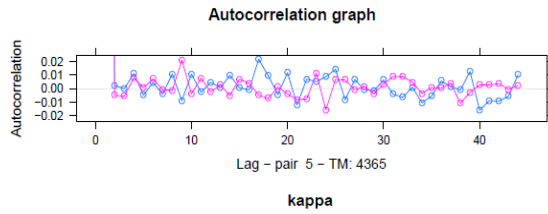


Figura 4 25:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-6. Figura 4 26:Gráfica de autocorrelación y convergencia 1-7.

Las gráficas de correlación nos confirman que las cadenas se encuentran incorreladas, de igual manera podemos observar que el *burn-in* planteado de 10000 es suficiente para conseguir la convergencia.

Finalmente se presenta el reporte de datos completo en la figura 4.27.

REPORTE FINAL

	1 - 2	1 - 3	1 - 4	1 - 5	1 - 6	1 - 7	2 - 3	2 - 4	2 - 5	2 - 6	2 - 7	3 - 4	3 - 5	3 - 6	3 - 7	4 - 5	4 - 6	4 - 7	5 - 6	5 - 7	6 - 7
Frequentista report																					
Accuracy	0.868499	0.830011	0.834822	0.796105	0.676518	0.507446	0.878351	0.885223	0.819702	0.715464	0.530584	0.850401	0.872623	0.632761	0.542726	0.827262	0.691867	0.531271	0.613517	0.532646	0.502635
AccuracyLower	0.858113	0.818534	0.823469	0.783842	0.662411	0.492499	0.868285	0.875394	0.80797	0.701823	0.515648	0.839471	0.862368	0.618261	0.527809	0.815716	0.67793	0.516336	0.598884	0.517713	0.48769
AccuracyUpper	0.87839	0.841046	0.845726	0.807971	0.690388	0.522382	0.887907	0.894534	0.831005	0.728816	0.545479	0.86086	0.882376	0.647083	0.557587	0.838369	0.705547	0.546165	0.627997	0.547536	0.517576
AccuracyNull	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.573196	0.573196	0.573196	0.573196	0.647881	0.647881	0.647881	0.543414	0.543414	0.813746
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.000146	1	0	0	0	2.4e-05	1	0	0	0	0.999977	0	0	1	0	0.925478	1
McnemarPValue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.725138	0.685118	0.67141	0.635294	0.258026	0.225292	0.765335	0.75968	0.66815	0.300327	0.247669	0.720916	0.77672	0.248148	0.279743	0.687953	0.289255	0.250008	0.241885	0.268637	0.142537
Kappa	0.744499	0.704415	0.691737	0.655139	0.282064	0.245268	0.782561	0.777831	0.687469	0.325912	0.267678	0.739303	0.792816	0.270503	0.301042	0.706828	0.313996	0.270674	0.263522	0.290059	0.1612
unweighted KappaUpper	0.76386	0.723711	0.712065	0.674984	0.306101	0.265244	0.799788	0.795982	0.706787	0.351498	0.287687	0.757689	0.808912	0.292857	0.322342	0.725703	0.338737	0.29134	0.28516	0.311481	0.179864
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.723596	0.683941	0.669978	0.633988	0.245285	0.220309	0.764228	0.758286	0.66654	0.288592	0.242275	0.719984	0.776095	0.237043	0.27713	0.686872	0.278466	0.245591	0.231533	0.266405	0.132013
Bayesian Kappa	0.744401	0.704394	0.691753	0.655118	0.282858	0.245501	0.782508	0.777755	0.687461	0.326674	0.267967	0.739299	0.792696	0.270996	0.301305	0.706741	0.314662	0.270815	0.263937	0.29031	0.161488
Bayesian KappaUpper	0.764144	0.724243	0.712482	0.675775	0.319182	0.270225	0.799871	0.796045	0.707559	0.363112	0.293242	0.757692	0.8088	0.303585	0.325136	0.7259	0.349708	0.295673	0.295759	0.313513	0.190636
Skewness BayesianKappa	-0.067672	-0.053583	-0.078781	-0.048044	-0.055131	-0.039992	-0.080006	-0.09116	-0.052476	-0.07841	-0.022724	-0.07347	-0.061571	-0.050894	-0.023823	-0.058652	-0.044613	-0.015592	-0.030596	-0.039954	-0.025595
Kurtosis BayesianKappa	0.010936	-0.008925	0.01589	0.016139	0.02409	-0.012605	0.002653	0.029918	-0.024621	0.044029	-0.007569	-0.029561	-0.008837	0.015122	-0.007155	-0.004594	0.01331	0.045417	-0.007228	-0.009301	-0.029615
DIC	20661.25092	22684.28882	21743.37411	23433.15336	19989.11195	25065.12555	21406.9681	20412.82681	22807.74063	19177.92377	24520.3025	22427.01882	23259.20906	21145.49326	25946.05038	23073.78386	19923.8063	25087.29603	21543.35318	26272.71609	21767.1665
Stationarity p-value																					
cad1	0.842832	0.593643	0.410295	0.805907	0.877695	0.501407	0.525755	0.67239	0.060098	0.723074	0.75094	0.30176	0.822402	0.84511	0.222559	0.529456	0.582643	0.71138	0.578065	0.536929	0.628421
cad2	0.937223	0.630417	0.024176	0.25511	0.736589	0.67268	0.705037	0.487182	0.663669	0.115938	0.80766	0.249448	0.325925	0.986908	0.268298	0.341366	0.153852	0.82023	0.579953	0.634713	0.198958
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.59121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034
Specificity - Frequentista																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.59121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034

Figura 4 27: Reporte Final 4365 células con 7 clasificadores – Modelo Dirichlet – Dirichlet.

Observando el reporte de la figura 4.27 se pueden extraer las siguientes conclusiones:

- Se posee una estimación puntual bayesiana con un error de milésimas contrastado con el método frecuentista.
- Las cadenas son estacionarias en todos los casos ($p\text{-valor} > 0.05$).
- La curtosis es ≈ 0 aclarándonos que tiene una densidad mesocúrtica ($k \approx N$).
- Se observa precisión del 50% en el caso de un mal clasificador como es constatado el RF, mientras que con el índice kappa y basándonos en la tabla de Landis y Koch (cuadro2.1) se puede concluir que toda combinación con este clasificador posee un acuerdo entre bajo e insignificante. Esto constata la utilidad y certeza en el análisis de acuerdo a través del índice kappa debido a la sensibilidad presentada en clases desbalanceadas.
- En base a la tabla 2.3 de concordancia se concluye que el método LDA clasifica tanto datos balanceados como desequilibrados de manera aceptable $k > 0.70$ en relación a cuan acorde están entre si el *gold estándar* y el algoritmo de clasificación en los resultados de la misma célula.
- La asimetría negativa nos señala que en las gráficas de densidad kappa la cola izquierda de la media es ligeramente mayor que el de la derecha. Por lo tanto, existe mayor cantidad de valores esperados hacia la izquierda.
- Individualmente cada categoría sigue una distribución binomial, mientras que la unión de todas puede formar 2 prioris que tienen una distribución Dirichlet y función de verosimilitud de Bernoulli y Beta $(1,1) \approx U(0,1)$.
- El test de Mc Nemar nos señala que las diferencias entre los 2 observadores no son debidas al azar, por lo cual las diferencias son estadísticamente significativas.
- Se comprueba que la sensibilidad y especificidad son parámetros intrínsecos del test debido a que no se producen cambios si se trabaja con la misma calidad

ADICIONANDO INFORMACIÓN EN LA DISTRIBUCIÓN A PRIORI

La importancia de un modelo bayesiano es la posibilidad de aportar información adicional a la distribución a priori, en este caso la necesidad de conocer los cambios producidos en kappa importando las prevalencias de cada célula leucémica a nivel del hospital, la provincia o el país. La Asociación Española de Afectados por Linfoma y Mieloma (AEAL) informa:

- La incidencia de LAL en la población tanto en niños como en adultos es de 1,29 por cada 100000 habitantes. (AEAL, 2017)
- La leucemia mieloide aguda presenta una incidencia entre 3 y 4 casos por cada 100000 habitantes.(Asociación Española de Afectados por Linfoma, Mieloma, 2017)
- La leucemia mieloide promielocítica aguda representa el 15% del total de leucemias mieloides agudas.(Fundación Josep Carreras, 2018)

Por lo tanto:

Para LAL

$$Prev = \frac{1.29}{100000} = 0.0000129 = 0.00129\% \text{ a nivel del país y provincial}$$

Para LAM

$$Prev = \frac{4}{100000} = 0.00004 = 0.004\% \text{ a nivel del país y provincial}$$

Para LAM PROMIELOCÍTICA

$$0.004\% * 0.15 = 0.000006\%$$

$$\text{Por lo tanto, LAM -MIELOIDE} = 0.004\% - 0.000006\% = 0.003994\%$$

En el caso del Hospital Clínic se obtendrá la prevalencia del cuadro 4.3 perteneciente al número total de células que poseen en base de datos.

Identidad	Prevalencia
CLR	0.10
LAL	0.17
LAM_MIELOIDE	0.55
LAM_PROMIELOCÍTICA	0.18

Tabla 4 5: Prevalencia de casos en células leucémicas – Hospital Clínic.

Los resultados aplicando los tres modelos en los casos de prevalencia tanto dentro como fuera del hospital se encuentran en el apéndice C. El siguiente cuadro detalla únicamente las respuestas obtenidas entre el *gold estándar* y el mejor clasificador LDA.

MÉTODO FRECUENTISTA					
TAMAÑO MUESTRAL	PAR DE OBSER.	KAPPA LOWER	KAPPA	KAPPA UPPER	ACCURACY
4365	1-2	0.7251	0.7444	0.7639	0.8685

MÉTODO BAYESIANO								
TAMAÑO MUESTRAL	MODELO	PAR DE OBSER.	KAPPA LOWER	KAPPA	KAPPA UPPER	P-VALOR 2 CHAIN	DIC	PREVALENCIA
4365	DI-DI	1-2	0.7236	0.7444	0.7641	(0.84;0.94)	20661.25	NO
4365	DI-DI	1-2	0.7239	0.7443	0.7644	(0.97;0.14)	20661.23	INSIDE
4365	DI-DI	1-2	0.7236	0.7422	0.7638	(0.97;0.77)	20661.22	OUTSIDE
4365	DI-MUL	1-2	0.5451	0.8339	0.8707	(0.31;0.53)	3398.97	NO
4365	DI-MUL	1-2	-55.26	0.8264	0.8747	(0.05;0.67)	3398.97	INSIDE
4365	DI-MUL	1-2	-	-	-	-	-	OUTSIDE
4365	BE-BE	1-2	0.8582	0.8683	0.8782	(0.51;0.80)	3398.96	NO
4365	BE-BE	1-2	0.8581	0.8683	0.8783	(0.97;0.80)	3398.96	INSIDE
4365	BE-BE	1-2	0.8583	0.8683	0.8782	(0.11;0.41)	3398.98	OUTSIDE

Tabla 4 6: Resultados índice kappa del método frecuentista bayesiano aplicando los 3 modelos bayesianos y prevalencias.

Se observa una mayor estabilidad en el modelo Dirichlet – Dirichlet, además mientras las prevalencias de las células son más extremas existe pequeñas variaciones en la índice kappa y sus intervalos de credibilidad (esto se debe a que el tamaño muestral es alto). El modelo Beta-Beta posee mayor margen de error en relación con el método frecuentista, mientras que el modelo Dirichlet- Multinomial falló en el caso de prevalencias demasiado pequeñas confirmando así su gran sensibilidad al cambio de parámetros.

INDICE KAPPA VERSUS PRECISIÓN

A través de la selección aleatoria del 10%, 25%, 50%, 75% y 100% del tamaño muestral de la base de datos de células leucémicas y la aplicación de la librería K_Freq_Bay con el mejor modelo comprobado (Dirichlet-Dirichlet). Se elaboró la tabla 4.7 y 4.8 y las figuras 4.28 y 4.29, que representan la evolución de la precisión e índice kappa frecuentista y bayesiano con sus intervalos de credibilidad, basados en los resultados obtenidos a través de la librería (apéndice C). Se trabajó bajo tres escenarios: información a priori equiprobable, prevalencia del Hospital Clínic y prevalencia de España. Es importante recalcar, que únicamente se utilizó los resultados entre el *gold estándar* y el mejor y peor clasificador (LDA y RF respectivamente).

KAPPA Y PRECISION DE OBSERVADORES: 1-2 - CÉLULAS LEUCÉMICAS					
	TM=436 10%	TM=1091 25%	TM=2182 50%	TM=3274 75%	TM=4365 100%
Precisión	0.899908	0.877012	0.878552	0.86683	0.868499
Kappa Freq.- Lower	0.720786	0.680672	0.731057	0.717486	0.725138
Kappa Freq.	0.77903	0.720817	0.758162	0.740018	0.74499
Kappa Freq. -Upper	0.83722	0.760971	0.785267	0.76255	0.76386
Kappa Bay.- Lower	0.712118	0.676703	0.728749	0.715932	0.723596
Kappa Bay.	0.778576	0.720889	0.758052	0.740027	0.74401
Kappa Bay.- Upper	0.833971	0.760524	0.785693	0.762976	0.764144
Kappa Bay. Inside - Lower	0.709922	0.675873	0.727966	0.715303	0.723904
Kappa Bay. Inside	0.776687	0.720104	0.75757	0.739681	0.744387
Kappa Bay. Inside - Upper	0.832641	0.760246	0.784593	0.762558	0.764418
Kappa Bay. Outside - Lower	0.69876	0.675147	0.727887	0.715163	0.723681
Kappa Bay. Outside	0.76189	0.71982	0.75764	0.739805	0.744223
Kappa Bay. Outside - Upper	0.83189	0.760237	0.784894	0.762529	0.763885

Tabla 4 7: Índice kappa y precisión de observadores 1-2 con diferente tamaño muestral – células leucémicas.

Comparison kappa versus accuracy - Model:Di-Di - Observer:1-2

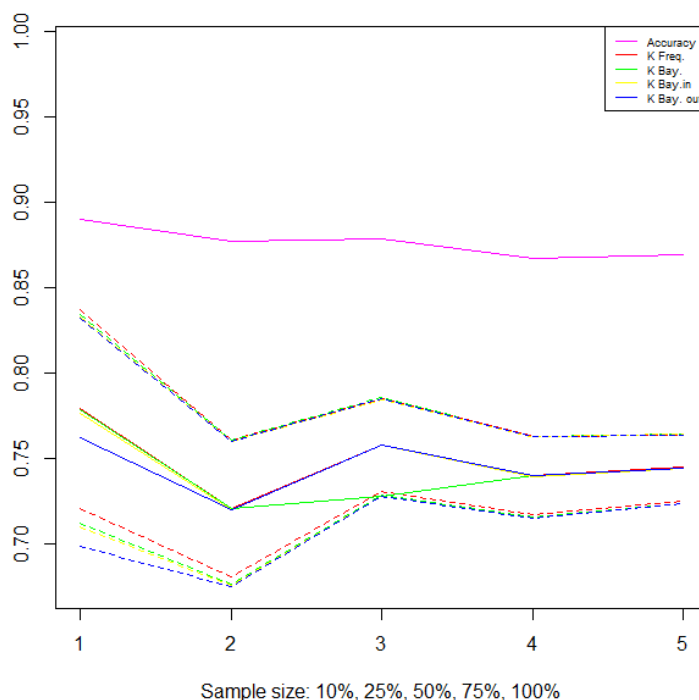


Figura 4 28: Gráfica de evolución del índice kappa y precisión según el tamaño muestral.

Se puede observar en la figura 4.28 los resultados de los observadores 1-2 (*gold estándar* - LDA), en el cual el índice kappa y sus intervalos (confianza y credibilidad) tanto frecuentista y bayesiano en sus tres escenarios analizados, presenta mayor sensibilidad al cambio muestral y a su vez a clases desbalanceadas. Tomando en cuenta que al realizar una selección aleatoria se obtuvo categorías con desequilibrios diferentes de acuerdo al tamaño muestral. En cambio, la precisión se mantiene superior al 86% con variaciones mínimas.

Para el caso de los observadores 1-6 (*gold estándar* – Random Forest) sse tiene:

V KAPPA Y PRECISION DE OBSERVADORES: 1-6 - CÉLULAS LEUCÉMICAS					
	TM=436 10%	TM=1091 25%	TM=2182 50%	TM=3274 75%	TM=4365 100%
Precisión	0.68578	0.684693	0.684235	0.668907	0.676518
Kappa Freq.- Lower	0.175783	0.237675	0.237765	0.238215	0.258026
Kappa Freq.	0.25191	0.286538	0.272283	0.265685	0.282064
Kappa Freq. -Upper	0.328037	0.33514	0.306801	0.293154	0.306101
Kappa Bay.- Lower	-0.086911	0.212782	0.218626	0.223395	0.245285
Kappa Bay.	0.601008	0.28959	0.274078	0.266634	0.282858
Kappa Bay.- Upper	0.701881	0.360629	0.326056	0.308368	0.319182
Kappa Bay. Inside - Lower	0.117603	0.208714	0.216918	0.221602	0.244822
Kappa Bay. Inside	0.251097	0.285816	0.272358	0.265608	0.282172
Kappa Bay. Inside - Upper	0.368793	0.357364	0.325173	0.307468	0.31824
Kappa Bay. Outside - Lower	0.11701	0.208602	0.216293	0.222433	0.244401
Kappa Bay. Outside	0.24117	0.286003	0.21177	0.265573	0.281967
Kappa Bay. Outside - Upper	0.36078	0.357776	0.324749	0.306582	0.317922

Tabla 4 8: Índice kappa y precisión de observadores 1-6 con diferente tamaño muestral – células leucémicas

Comparison kappa versus accuracy - Model:Di-Di - Observer:1-6

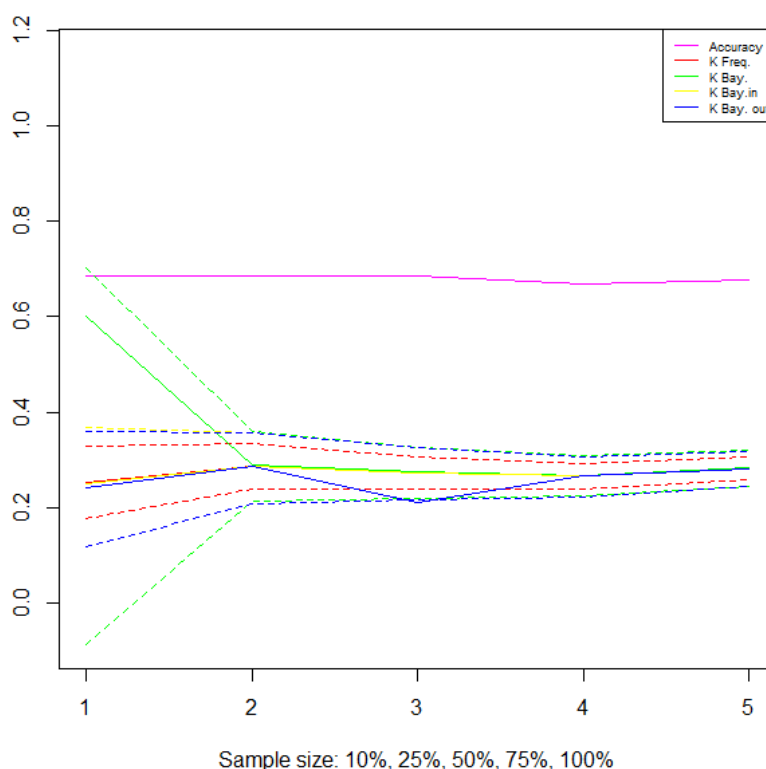


Figura 4 29: Gráfica de evolución del índice kappa y precisión según el tamaño muestral.

La figura 4.29 muestra que a menor precisión de un clasificador la sensibilidad del índice kappa y sus intervalos también disminuye. Sin embargo aun en estos casos kappa demuestra variabilidad en la presencia de clases desequilibradas.

Basado en las graficas 4.28 y 4.29, se constata que a mayor tamaño muestral el análisis bayesiano converge al frecuentista, representando un gran rendimiento y robustez de la librería diseñada con el modelo Dirichlet - Dirichlet aplicado. De igual manera se observa la importancia del uso de kappa para el caso multiclase desequilibrado.

Capítulo V

Discusión y conclusiones

El índice kappa es una herramienta adecuada para evaluar el grado de acuerdo entre dos observadores o clasificadores en el caso categórico ya sea de tipo dicotómico o politómico que se encuentren en estado desequilibrado, debido a su diferencia normalizada entre la tasa de acuerdo observada y la que se esperaría puramente por casualidad. Tal y como lo afirman Twain (2006), Bruckner y Yoder (2014) en sus artículos correspondientes.

El enfoque bayesiano es una alternativa que va ganando terreno dentro de la estimación de parámetros de interés. Tal es el caso del análisis de concordancia, basado en la teoría de la decisión y el teorema de Bayes (cumpliendo los supuestos de sucesos disjuntos y exhaustivos). Todo análisis parte de un problema donde su solución engloba un conjunto de decisiones asociado a un conjunto de eventos inciertos relevantes, en el que cada evento posee su consecuencia que, gracias a una relación de orden, permite tomar una decisión con certeza.

El trabajo final de master se ha centrado en el análisis de concordancia bayesiano para el caso multiclase desequilibrado mediante el diseño de la librería *KFreqBay* en RStudio descargable a través de la dirección <https://github.com/RicardoBorja>. La librería posee un sinnúmero de funciones primarias y secundarias que permiten simular un gold estandar (prueba con la máxima certeza) y varios observadores a través de una distribución multinomial para el caso de no poseer una base de datos objetiva a ser analizada. Además, se obtiene un informe del análisis de concordancia frecuentista con medidas de acuerdo tales como: precisión y sus intervalos de confianza, test de McNemar, sensibilidad (verdadero – positivo) y especificidad (verdadero – negativo). En cuanto al método bayesiano, se presenta el coeficiente Cohen Kappa y sus intervalos de credibilidad bayesianos, p-valor del test de estacionariedad mediante el método de Cramer Von Mises y el análisis de convergencia con el método de Gelman y Rubin.

Basado en el libro de “Inferencia Estadística” de José Cristóbal, se plantearon tres modelos bayesianos: Dirichlet - Dirichlet, Dirichlet- Multinomial y Beta-Beta fundamentado en las distribuciones conjugadas con el fin de conseguir resultados lógicos e interpretables debido a su simplicidad en el conocimiento de la distribución a posteriori. Se utilizaron distribuciones que pertenecen a variables discretas y además aquellas continuas que trabajan en el rango entre 0 y 1 para la probabilidad a priori y de verosimilitud. Entre ellas están las distribuciones Bernoulli, Beta, Dirichlet, Multinomial, Binomial y Uniforme.

Dentro del modelo, la ecuación del índice kappa representa la verosimilitud utilizando la distribución Bernoulli ya que es óptima para el diseño al tener únicamente dos resultados mutuamente excluyentes en donde se tienen la probabilidad de pertenecer o no a la categoría analizada. Se trabajó con el caso especial de la distribución *Beta* (1,1) que permite su coincidencia con una distribución uniforme trabajando en el rango [0,1].

Las distribuciones a priori elegidas fueron:

- La multinomial, que es una generalización de la distribución binomial que posee k sucesos excluyentes con su propia probabilidad respectiva.
- La Dirichlet, que es una generalización multivariante de la distribución Beta ($k = 2$) y de una familia multivariante continua.

Por lo tanto, se trabajó con distribuciones que representen éxito y fracaso y a su vez aquellas que mantengan el rango entre los que trabaja el índice kappa.

Se utilizó la aplicación informática JAGS y la librería rjags implementada en el lenguaje R por su simplicidad y continua actualización e interacción con RStudio, aplicando los modelos bayesianos anteriormente señalados mediante el algoritmo de cadenas de Markov de Monte Carlo. Este es un proceso estocástico discreto que va calculando el índice kappa basándose en la estimación inmediatamente anterior, con el fin de converger de la manera más precisa al valor real. Es importante recalcar que utiliza el muestreo de Gibbs que permite a las densidades propuestas coincidir con las distribuciones a posteriori.

Para evitar que la estimación del parámetro quede atrapada en una pequeña parte del espacio muestral, el programa realiza un análisis de convergencia a través del test de Gelman Rubin que permite también identificar el *burn-in* adecuado para la fase de quemado. De igual manera se obtiene la autocorrelación de los valores θ_t , que permite conocer al usuario si existe altas o bajas correlaciones que puedan influir dentro de la convergencia y a su vez se puede definir el *thinning* de los datos seleccionando ya sea uno o varios en cada retardo r con el fin de conseguir una muestra incorrelada. La gráfica de los estados de la cadena θ_t frente a t también fue un criterio de decisión aplicado para observar la estacionariedad.

En la comparación de modelos se trabajó con el índice DIC que es un criterio de información jerárquico generalizado del AIC y BIC que determina el ajuste o la capacidad predictiva de los modelos creados.

Para la primera etapa de validación de la librería KFREQBay se generó la simulación de cuatro observadores incluyendo un *gold estándar* con cinco categorías desequilibradas con probabilidades de 0.217, 0.326, 0.434, 0.022, 0.001 aplicado a un tamaño muestral de 921 y 9000.

En cuanto al enfoque bayesiano se aplicaron los tres modelos asumiendo información de la distribución a priori en dos escenarios: equiprobable y con una prevalencia por categoría de 0.15, 0.40, 0.05, 0.20, 0.20, respectivamente. Basado en DIC y con el apoyo de la tabla 5.1 se concluye como mejor modelo el Dirichlet-Dirichlet por su exactitud y estabilidad, mientras que los otros dos modelos presentan un mayor margen de error, aunque su valor DIC es menor debido a que presenta precisión, pero no exactitud; además de observar una densidad kappa con curtosis leptocúrtica y platicúrtica que limitan a los modelos.

MODELO	Tasa de error (TM = 921)	Tasa de error (TM= 9000)	Info. a priori Categorías equiprobables	Precisión entre observadores
DI-DI	0.07%	0%	SI	92%
DI-DI	0.10%	0%	NO	92%
DI-DI	0.02%	1.24%	SI	60%
DI-DI	0.08%	1.26%	NO	60%
DI-MUL	2.38%	1.96%	SI	92%
DI-MUL	2.78%	2.64%	NO	92%
DI-MUL	34.13%	31.14%	SI	60%
DI-MUL	37.14%	32.93%	NO	60%
BE-BE	4.18%	4.29%	SI	92%
BE-BE	4.19%	4.30%	NO	92%
BE-BE	38.83%	33.69%	SI	60%
BE-BE	28.02%	33.65%	NO	60%

Tabla 5 1: Tasa de error del índice kappa bayesiano versus frecuentista en muestras simuladas.

Se puede observar que la exactitud de cada modelo mejora a medida que aumenta la muestra mejora la exactitud en cada modelo. Los modelos DI-MUL y BE-BE son demasiado sensibles en el caso de clasificadores u observadores con precisiones bajas, mientras que el modelo Dirichlet es muy exacto y preciso en sus cálculos.

En la segunda etapa de validación se aplicó la librería diseñada a la base de datos de clasificación de células leucémicas en sangre periférica de pacientes del Hospital Clínic de Barcelona y procedente de la tesis doctoral que se encuentra en proceso de desarrollo de Laura Boldú del grupo de investigación Cellsilab. Se consideraron cuatro categorías según los siguientes tipos de células: reactivas, leucémicas agudas linfocíticas (unión de LAL – T y LAL – B), leucémicas agudas mieloides (unión de mieloides y monocítica) y leucémicas agudas mieloides promielocítica. Las clasificaciones se obtuvieron a través de algoritmos de aprendizaje supervisado (LDA, SVM y RF) aplicados tanto para muestras balanceadas a través de técnicas de Upsampling y Downsampling como para muestras desequilibradas. En ambas etapas se realizaron los análisis utilizando la tabla valorativa de Landis y Koch de concordancia en función del índice kappa obtenido. En base al número de células totales en cada clase existentes en la base de datos del Hospital Clínic se obtuvo la prevalencia de cada categoría (10%, 17%, 55%, 18% respectivamente). De igual manera el estudio del arte permitió definir la prevalencia de cada tipo de leucemia a nivel de España (0.001%, 0.00129%, 0.3994%, 0.0006% respectivamente).

Aplicando los modelos bayesianos las tasas de error fueron los representados en la tabla 5.2:

MODELO	LDA DESQUI.	LDA BAL.	SVM DESQUI.	SVM BAL.	RANDON FOREST DESQUI.	RANDON FOREST BAL.	INFORMACIÓN A PRIOR CATEGORÍAS
ACCURACY	86.85%	83%	83.48%	79.61%	67.65%	50.74%	
DI-DI	0%	0%	0%	0%	0.28%	0.12%	Equiprobable
DI-MUL	10.73%	10.29%	12.63%	11.75%	52.32%	35.28%	Equiprobable
BE-BE	14.27%	15.12%	17.12%	17.70%	58.30%	51.70%	Equiprobable
DI-DI	0.01%	0.02%	0.04%	0.03%	0.03%	0%	Inside Hospital
DI-MUL	9.92%	9.47%	11.45%	10.44%	51%	29.25%	Inside Hospital
BE-BE	14.26%	15.12%	17.12%	17.69%	58.30%	51.67%	Inside Hospital
DI-DI	0.02%	0.02%	0.03%	0.03%	0.03%	0.04%	Outside Hospital
DI-MUL	-	-	-	-	-	-	Outside Hospital
BE-BE	14.26%	15.12%	17.13%	17.70%	58.30%	51.67%	Outside Hospital

Tabla 5 2: Tasa de error del índice kappa bayesiano versus frecuentista en datos de células leucémicas.

Se confirmó nuevamente como mejor modelo el Dirichlet- Dirichlet, mientras que los otros dos son aceptables en casos con observadores de precisión medianamente alta. Se comprueba que los modelos son más exactos cuanto más específica sea la información a priori.

La aplicación del método bayesiano constituye una alternativa a la estadística frecuentista, esencialmente por la incorporación de información externa al estudio (a priori) cuantificada en forma de probabilidad a partir de la frecuencia relativa de aparición. Un ejemplo claro, es la aplicación de la librería en la base de datos de leucemias, en el cual su modelo bayesiano tuvo la incorporación de información de prevalencias, relacionadas a la incidencia de las clases analizadas.

El análisis del índice kappa versus la precisión permitió constatar que kappa es una medida de vital importancia dentro del avance de los métodos de clasificación, especialmente en el caso muticlas de clases desequilibradas; en donde la distribución marginal de la variable respuesta es muy sesgada.

La efectividad y robustez obtenidos en la aplicación de la librería, tanto a datos simulados como a la base de datos de leucemias, demuestra la importancia, innovación y utilidad del diseño de la librería K_Freq_Bay en el lenguaje R. Tomando en cuenta la actual inexistencia de librerías en el entorno RStudio con similares características.

Entre las limitaciones de este trabajo se encuentran las múltiples pruebas y ajustes de los modelos especialmente del Dirichlet-Multinomial y del Beta-Beta que presentan sensibilidad en algunos casos específicos, al igual que el alto coste computacional que requiere el cálculo de los

modelos incluyendo el criterio de información DIC que determina el ajuste o la capacidad predictiva de los modelos.

Finalmente se presenta la tabla 5.3 con el coste computacional de las pruebas realizadas en un ordenador Intel Core i5 de 12Gb de RAM.

COSTE COMPUTACIONAL			
PRUEBAS	MODELOS	CON DIC	SIN DIC
931 – 5 cat. – 3 obs.	DI-DI	15min.	9min.
931 – 5 cat. – 3 obs.	DI-MUL	10min.	4min.
931 – 5 cat. – 3 obs.	BE-BE	10min.	4min.
9000 – 5 cat. – 3 obs.	DI-DI	1h 45min.	16min.
9000 – 5 cat. – 3 obs.	DI-MUL	1h 05min.	12min.
9000 – 5 cat. – 3 obs.	BE-BE	1h 03min.	12min.
4365 – 4 cat. – 6 obs.	DI-DI equiprobable	4h 40min.	30min.
4365 – 4 cat. – 6 obs.	DI-MUL equiprobable	2h 20min.	20min.
4365 – 4 cat. – 6 obs.	BE-BE equiprobable	2h 15min.	20min.
4365 – 4 cat. – 6 obs.	DI-DI Inside Hospital	5h 10min.	35min.
4365 – 4 cat. – 6 obs.	DI-MUL Inside Hospital	2h 40min.	22min.
4365 – 4 cat. – 6 obs.	BE-BE Inside Hospital	2h 20min.	22min.
4365 – 4 cat. – 6 obs.	DI-DI Outside Hospital	5h 40min.	36min.
4365 – 4 cat. – 6 obs.	BE-BE Outside Hospital	2h 20min.	22min.

Tabla 5 3: Coste computacional en la ejecución de la librería K_Freq_Bay.

Como es natural este trabajo a dejado puertas abiertas a futuras mejoras, como pueden ser las que se plantean a continuación:

- Ajuste de los modelos Dirichlet-Multinomial y Beta-Beta a través de la generación de un mayor número de pruebas con otras bases de datos reales que posean tamaños muestrales elevados, múltiples categorías y probabilidades extremas.
- Incorporación de un mayor número de clasificadores que posean diferentes métodos de discriminación y la inclusión de resultados obtenidos a través de observadores humanos, En el caso de la salud podría ser el diagnóstico de varios especialistas del fenómeno analizado.
- Búsqueda de técnicas alternativas que generen un menor coste computacional en la estimación de la capacidad predictiva de los modelos a través del DIC.
- Estudio en profundidad que permita determinar la posibilidad de mejorar algoritmos de clasificación en base al conocimiento del valor de la precisión esperada y observada mediante análisis de concordancia.

Bibliografía

- AEAL. (2017). Leucemia linfoblástica aguda - Guía para familiares. Recuperado 14 de diciembre de 2018, de http://www.aeal.es/multimedia/aeal2016/GUIA_LLA_AEAL.pdf
- American Cancer Society. (2018). ¿Cómo se clasifica la leucemia linfocítica aguda? Recuperado 31 de octubre de 2018, de <https://www.cancer.org/es/cancer/leucemia-linfocitica-aguda/deteccion-diagnostico-clasificacion-por-etapas/como-se-clasifica.html>
- Asociación Española de Afectados por Linfoma, Mieloma y. (2017, febrero 20). La leucemia mieloide aguda | AEAL. Recuperado 12 de diciembre de 2018, de <http://www.aeal.es/leucemia-mieloide-aguda-espana/3-la-leucemia-mieloide-aguda/>
- Asociación Española de Afectados por Linfoma, Mieloma y Leucemia. (2014, noviembre). Leucemia mieloide aguda, I. Recuperado de http://www.aeal.es/nueva_web/wp-content/uploads/2015/07/aeal_explica_leucemia_mieloide_aguda.pdf
- Basso, G., Case, C., & Dell'Orto, M. C. (2007). Diagnosis and genetic subtypes of leukemia combining gene expression and flow cytometry. *Blood Cells, Molecules, and Diseases*, 39(2), 164-168. <https://doi.org/10.1016/j.bcmd.2007.05.004>
- Bigorra, L., Merino, A., Alférez, S., & Rodellar, J. (2017). Feature Analysis and Automatic Identification of Leukemic Lineage Blast Cells and Reactive Lymphoid Cells from Peripheral Blood Cell Images. *Journal of Clinical Laboratory Analysis*, 31(2). <https://doi.org/10.1002/jcla.22024>
- Bruckner, C., & Yoder, P. (2006). Interpreting Kappa in Observational Research: Baserate Matters. *American Journal on Mental Retardation*, 111(6), 433. [https://doi.org/10.1352/0895-8017\(2006\)111\[433:IKIORB\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1352/0895-8017(2006)111[433:IKIORB]2.0.CO;2)
- Calle, F. (2014). *Técnicas Bayesianas de apoyo a la toma de decisiones y sus aplicaciones*. (Tesis Doctoral). Universidad de Extremadura, España. Recuperado de http://dehesa.unex.es/bitstream/handle/10662/1624/TDUEX_2014_Calle_Alonso.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Canavos, G. (1988). *Probabilidad y Estadística Aplicaciones y Métodos* (2nd ed). Mexico: McGraw-Hill.

- Carlin, B., & Louis, T. (2009). *Bayesian Methods for Data Analysis* (3era.). New York: Taylor y Francis Group.
- Centro Regional de Transfusión Sanguínea de Granada y Almería. (2018). Los componentes de la sangre. Recuperado 30 de octubre de 2018, de <http://transfusion.granada-almeria.org/donar/componentes>
- Congdon, P. (2005). *Bayesian Models for Categorical Data*. New York: John Wiley & Sons.
- Cristóbal, J. (2000). *Inferencia Estadística* (2nd ed). Zaragoza, España: Prensas Universitarias de Zaragoza.
- Diluvi, G. C. (2018). Teoría de la Decisión y Estadística Bayesiana. Recuperado 20 de noviembre de 2018, de http://www.academia.edu/34860240/Teor%C3%ADa_de_la_Decisi%C3%B3n_y_Estad%C3%ADstica_Bayesiana
- Egelé, A., Stouten, K., Bruin, L., Teuns, R., Van Gelder, W., & Rield, J. (2016). Classification of several morphological red blood cell abnormalities by DM96 digital imaging. *ResearchGate*. <https://doi.org/DOI: http://dx.doi.org/10.1111/ijlh.12530>
- Ford, E. B. (2015, junio 5). Convergence Diagnostics For Markov chain Monte Carlo. Recuperado de <http://astrostatistics.psu.edu/RLectures/diagnosticsMCMC.pdf>
- Fundación Goteo. (2014, enero 4). Herramienta diagnóstica en leucemias y linfomas. Recuperado 13 de diciembre de 2018, de <http://www.goteo.org/project/herramienta-diagnostica-en-leucemias-y-linfomas>
- Fundación Josep Carreras. (2018, diciembre 13). Leucemia mieloide aguda del adulto. Recuperado 14 de diciembre de 2018, de <https://www.fcarreras.org/es/leucemiamieloideaguda>
- Halweb. (s. f.). Modelos Bayesianos. Recuperado 12 de noviembre de 2018, de <http://halweb.uc3m.es/esp/Personal/personas/jmmarin/esp/Categor/Tema7Cate.pdf>
- Hillier, F., & Liberman, G. (2015). *Introducción a la Investigación de Operaciones*. (10ma., Vol. 1). México: McGraw-Hill Interamericana.
- Kéry, M., & Royle, A. (2016). *Applied hierarchical modeling in ecology - Analysis of distribution, abundance and species richness in R and BUGS*. (Amsterdam, Vol. 1). Academic Press.
- King, J. (2013, enero 6). LDA-math-Understanding Beta / Dirichlet Distribution. Recuperado 20 de noviembre de 2018, de <http://www.52nlp.cn/lda-math-%E8%AE%A4%E8%AF%86betadirichlet%E5%88%86%E5%B8%83>

- Koch, K. (1990). *Bayes Theorem* (Vol. 31). Berlin: Springer.
- Kuhn, M., Wing, J., Weston, S., Williams, A., Keefer, C., Engelhardt, A., ... Kenkel, B. (2018, noviembre 20). caret package | R Documentation. Recuperado 30 de noviembre de 2018, de <https://cran.r-project.org/web/packages/caret/caret.pdf>
- Kwiecien, R., Koop, S., & Blettner, M. (2011). Concordance Analysis, (16). <https://doi.org/10.3238/arztebl.2011.0515>
- Láñez Pareja, E. (1999). Células del sistema inmune. Recuperado 30 de octubre de 2018, de https://www.ugr.es/~eianez/inmuno/cap_02.htm
- Leukemia & Lymphoma Society. (s. f.). Células Sanguíneas. Recuperado 29 de octubre de 2018, de https://www.lls.org/sites/default/files/file_assets/sp_bloodcellschart.pdf
- Lopes, M., da Silva, V., & de Araujo, T. (2012). Nursing diagnoses analysis under the bayesian perspective. *Revista Da Escola De Enfermagem Da U S P*, 46(4), 994-1000.
- Lunn, D., Jackson, C., Best, N., Thomas, A., & Spiegelhalter, D. (2013). *The BUGS Book A Practical Introduction to Bayesian Analysis*. New York: CRC Press.
- Maier, M. (2015, noviembre 13). Package «REdaS». Recuperado 30 de noviembre de 2018, de <https://cran.r-project.org/web/packages/REdaS/REdaS.pdf>
- Martínez, I. C., Castañón, A. K., Pola, H. A., & Sánchez, G. A. (2018). Método Montecarlo. Recuperado 24 de noviembre de 2018, de <https://www.zonaeconomica.com/metodo-monte-carlo>
- McHugh, M. (2012, octubre 15). Interrater reliability: the kappa statistic. Recuperado 31 de diciembre de 2018, de <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3900052/>
- MedlinePlus. (2018, agosto 23). Leucemia [Text]. Recuperado 29 de octubre de 2018, de <https://medlineplus.gov/spanish/leukemia.html>
- Mendoza, M., & Gutiérrez, P. (2010). Decision Theory, 119-124. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-044894-7.01319-1>
- Mendoza, M., & Regueiro, P. (2011). Estadística Bayesiana. Recuperado 22 de noviembre de 2018, de http://allman.rhon.itam.mx/~lnieto/index_archivos/NotasBayesMR.pdf
- Merino, A., Puigví, L., Boldú, L., Alférez, S., & Rodellar, J. (2018). Optimizing morphology through blood cell image analysis. *International Journal of Laboratory Hematology*, 40 Suppl 1, 54-61. <https://doi.org/10.1111/ijlh.12832>
- Monleón - Getino, A. (2018). *Quantitative metagenomic biodiversity* (2.^a ed.). Barcelona: Lulu press inc.

- Monleón, A., & Crespo, C. (2017). *WIN_BUGS: un software para el análisis de modelos bayesianos usando MCMC*. Barcelona: Lulu press Inc.
- Montiel, A., Ruiz, F., & Barón, F. (1997). *Elementos básicos de Estadística Economía y Empresarial*. Madrid: Prentice Hall.
- Mood, A., Graybill, F., & Boes, D. (1913). *Introduction to the theory of statistics* (3era. ed.). New York: McGraw-Hill.
- Núñez, A. (2012). Preliminares: elementos de estadística bayesiana. Recuperado de http://www.iuma.ulpgc.es/~nunez/mastertecnologiatelecomunicacion/Tema2InferenciaEstadistica/inferencia-estadistica-bayesiana/bayes-polo-asignatura-preliminares_1.pdf
- Pardo, R., Vivana, M., & Merino, A. (2005). Células madre: conceptos generales y perspectivas de investigación. *Universitas Scientiarum*, 10(1), 6.
- Phan, M. (2018, febrero). Latent Dirichlet Allocation. Recuperado 20 de noviembre de 2018, de https://github.com/minhphan/minhphan.github.io/blob/master/assets/pdf/LDA_summary.pdf
- Plummer, M., Best, N., Cowles, K., Vines, K., Sarkar, D., Bates, D., ... Magnusson, A. (2018, octubre 8). Package «coda». Recuperado 1 de diciembre de 2018, de <https://cran.r-project.org/web/packages/coda/coda.pdf>
- Plummer, M., Stukalov, A., & Denwood, M. (2018, octubre 19). Package «rjags». Recuperado 1 de diciembre de 2018, de <https://cran.r-project.org/web/packages/rjags/rjags.pdf>
- Press, J. (1989). *Bayesian Statistics principles, models, and applications*. California: John Wiley & Sons.
- Revista Varianza. (2011, noviembre). Estadística Clásica e Inferencia, (8). Recuperado de http://www.revistasbolivianas.org.bo/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S9876-67892011000100010&lng=en&nrm=iso
- Rodellar, J., Alférez, S., Acevedo, A., Molina, A., & Merino, A. (2018). Image processing and machine learning in the morphological analysis of blood cells. *International Journal of Laboratory Hematology*, 40 Suppl 1, 46-53. <https://doi.org/10.1111/ijlh.12818>
- Salech, F., Mery, V., Larrondo, F., & Rada, G. (2008). Estudios que evalúan un test diagnóstico: interpretando sus resultados. *Revista médica de Chile*, 136(9), 1208-1208. <https://doi.org/10.4067/S0034-98872008000900018>
- Sanjib, B., Mousumi, B., & Ananda, S. (2000). *Bayesian Inference for Kappa from Single and Multiple Studies. Biometrics* (2.^a ed., Vol. 56).

- Sheldon, R. (2007). *Introduction to Probability Models* (9na ed). Berkeley, California: Elsevier.
- Stauffer, H. (2008). *Contemporary Bayesian and Frequentist Statical Research Methods for Natural Resource Scientists*. New Jersey: Wiley - Interscience a John Wiley & Sons, Inc.
- Tf, É. C.-R., & Rubio, J. A. (2010). MÉTODOS ESTADÍSTICOS DE EVALUACIÓN DE LA CONCORDANCIA Y LA REPRODUCIBILIDAD DE PRUEBAS DIAGNÓSTICAS, *61*(3), 9.
<https://doi.org/247-255>
- Tovar, J. (2015). Bayesian inference and health research studies: an application case in clinical diagnosis. *Revista Médica de Risaralda*, *21*(1), 9-16.
- Twain, J. (2014, enero 13). Cohen's kappa in plain English. Recuperado 31 de diciembre de 2018, de <https://stats.stackexchange.com/questions/82162/cohens-kappa-in-plain-english>

Apéndice A

A continuación, se presenta la programación de las funciones principales y secundarias elaboradas para la librería K_Freq_Bay.

PROGRAMA BASE

```
K_Freq_Bay <- function (data=FALSE, setseed=1234, num_mult=1000, burn_in=10000,
chains=2, updat=1000, thin_=1, iter_thin_=20000, models=1, DIC_=0){

  set_seed <- as.numeric(setseed)
  num_multi <- as.numeric(num_mult)
  models <- as.numeric(models) # Tamano de la ventana de salida pdf del reporte
  burni <- as.numeric(burn_in) # Burnin o calentamiento
  chai <- as.numeric(chains) # Numero de cadenas
  updatel <- as.numeric(updat) #Numero de repeticiones
  thinl <- as.numeric(thin_) #Intervalos para muestreo
  iter_thin <- as.numeric(iter_thin_) # iteraciones para thin
  DIC_=as.numeric(DIC_)

#-----
# INSTALACION DE LIBRERÍAS NECESARIAS
  Paq_nec()
  print(Fun_menl(), quote=FALSE)
#-----
# CREACION DE DATOS MULTINOMIALES
  r2 <- data
  L <- as.numeric(length(r2))

  if (L==1 ){
    list_one <- muestra_categori(set_seed=set_seed,num_multi=num_multi)
    NC <- list_one[[1]]
    tamano.muestral <- list_one[[2]]
    Probab <- list_one[[3]]
    r2 <- list_one[[4]]
    n1 <- list_one[[5]]
    num_obs <- list_one[[6]]
    accu <- list_one[[7]]
  }

#-----
# PREPARACION DE DATOS - CAMBIO A CATEGORIAS NUMERICAS

  if (L!=1 ){
    list_one <- base_datos(r2=r2)
    NC <- list_one[[1]]
    tamano.muestral <- list_one[[2]]
    r2 <- list_one[[3]]
    Numcol <- ncol(r2)
    for (i in 1:Numcol) {
      r2[,i] <- as.factor(r2[,i])
    }
    n1 <- list_one[[4]]
    num_obs <- list_one[[5]]
  }

#-----
# TRATAMIENTO DE MISSING
  r2 <- knnImputation(r2,k=5)
  NC <- as.numeric(length(as.numeric(levels(r2[,1]))))
#-----
```

```

# CARACTERISTICAS
Fun_carac(r2=r2,data=data,NC=NC,L=L,tamano.muestral=tamano.muestral)
#-----
# ANALISIS FRECUENTISTA
lis_final <- Analisis_frecue(r2=r2, nl=nl,NC=NC)
Stat_by_clas <- Fun_sen_esp(r2=r2, nl=nl)
#-----

# ANALISIS BAYESIANO
list_two <- Analisis_bayes(r2=r2, nl=nl, NC=NC,
tamano.muestral=tamano.muestral, lis_final=lis_final, chai=chai, burni=burni,
update1=update1, iter_thin=iter_thin, thin1=thin1, models=models,
Stat_by_clas=Stat_by_clas, DIC_=DIC_)

mcmc_sample1 <- list_two[[1]]
Repor_Gelm_Raf <- list_two[[2]] # Viene por lista y debe escogerse la pareja
Repo_final <- list_two[[3]] # Reporte Total

dev.off()

#-----
# REPORTE FINAL EN PDF
ven_wid <- ((as.numeric(num_obs))*3)+6
TM <- nrow(r2)
pdf(paste("Finalreport_",TM,".pdf"), height=11, width=ven_wid)
grid.table(Repo_final)
dev.off()

#-----
# CAMBIO DE MUESTRA
Repo_final_2 <- 0
if (L==1){
  Repo_final_2 <- cam_mues(r2=r2, num_multi=num_multi, set_seed=set_seed,
proba=Probab, accu=accu, chai=chai, burni=burni, update1=update1,
iter_thin=iter_thin, thin1=thin1, models=models, DIC_=DIC_,
ven_wid=ven_wid, NC=NC)
}

#-----
# IMPRESION DE MENSAJE FINAL EN LA CONSOLA
mensaje <- Fun_men6()
print(mensaje, quote=FALSE)

# DATOS DEVUELTOS
return(list(
  Report_Gelm_Raf_Von <- Repor_Gelm_Raf,
  Report_final <- Repo_final,
  Final_report_2 <- Repo_final_2
))
}

```

FUNCIÓN paq_nec

```

# Instalacion y activacion de librerías necesarias

Paq_nec <- function(){
  if(!require("fBasics")) install.packages("fBasics")
  if(!require("psych")) install.packages("psych")
  if(!require("lattice")) install.packages ( "lattice" )
  if(!require("ggplot2")) install.packages ( "ggplot2" )
  if(!require("caret")) install.packages ( "caret" )
  if(!require("coda")) install.packages ( "coda" )
  if(!require("rjags")) install.packages ( "rjags" )
  if(!require("HDIInterval")) install.packages ( "HDIInterval" )
  if(!require("BEST")) install.packages ( "BEST" )
  if(!require("boot")) install.packages ( "boot" )
}

```

```

if(!require("DMwR")) install.packages ( "DMwR" )
if(!require("REdaS")) install.packages ( "REdaS" )

require("fBasics")
require("psych")
require ("lattice")
require("ggplot2")
require ("caret")
require("coda")
require("rjags")
require("HDInterval")
require("BEST")
require("boot")
require("DMwR")
require("REdaS")
require("gridExtra")
graphics.off()
}

```

FUNCIÓN muestra_categori

```

muestra_categori <- function(set_seed=set_seed,num_multi=num_multi){
  set_seed <- as.numeric(set_seed)
  num_multi <- as.numeric(num_multi)

#-----
#          PROCESO DE CARGA DE INFORMACION

  lista <- Prop.priori()
  NC <- lista[[1]] # numero de categorias
  tamano.muestral <- round((lista[[2]]),0)
  proba <- lista[[3]] # probabilidad por cada categoría
#-----

  n <- num_multi # número de bucles para crear la multinomial
  set.seed(set_seed) # En el caso que se desee que sea reproducible
  lista2 <- Fun_multi(n=n,NC=NC,tamano.muestral=tamano.muestral,proba=proba)
  r <- as.data.frame(lista2[[1]]) # muestra multinomial
  names(r) <- "r"

#-----

#          CREAR OBSERVADORES

  obser <- Fun_clas_obs(r=r,NC=NC)
  r2 <- obser[[1]]
  accu <- obser[[2]]
  n1 <- as.numeric(ncol(r2)) # número de datos
  num_obs <- ncol(r2)
#-----

  return(list(
    NC <- NC,
    tamano.muestral <- tamano.muestral,
    proba <- proba,
    r2 <- r2,
    n1 <- n1,
    num_obs <- num_obs,
    accu <- accu
  ))
}

```

FUNCION prop_priori

```

# Funcion para establecer las probabilidades a priori
Prop.priori <- function(){
  mensaje <- Fun_men2()
  print(mensaje, quote=FALSE)
  read <- readline(prompt = "Option=")
}

```



```

if ( !(read %in% c(3,2,1) ) ){ message("It is not a valid number"); read<-NULL}
else if (read == 1) {
  N <- readline("Enter the number of categories =")
  N <- as.numeric(N)
  pro <- numeric(N)
  for (i in 1:N) {
    Ncat <- readline(paste("Categories",i,"="))
    Ncat <- as.numeric(Ncat)
    pro[i] = Ncat
  }
  tamano.muestral <- sum(pro)
  proba <- pro/tamano.muestral
}
else if (read == 2) {
  N <- readline("Enter the number of categories=")
  N <- as.numeric(N)
  pro <- numeric(N)
  for (i in 1:N) {
    Ncat <- readline(paste("Category probability",i,"="))
    Ncat <- as.numeric(Ncat)
    pro[i] = Ncat
  }
  tamano.muestral <- readline("Enter the sample size =")
  tamano.muestral <- as.numeric(tamano.muestral)
  proba <- pro
}
else if (read == 3) {read <- NA}
return(list(N,tamano.muestral,proba))
}

```

FUNCIÓN Fun_multi

```

# Función que permite crear una muestra multinomial con NC probabilidades

Fun_multi <- function(n=n,NC=NC,tamano.muestral=tamano.muestral,proba=proba){
  proba <- as.numeric(proba)
  m <- integer(n)
  y= 1:NC
  for(i in 1:n){
    r <- rmultinom(tamano.muestral, size = 1, prob = proba)*y
    r <- apply(r, 2, function(x) x[x != 0])
    m[i] <- sum(r)
  }
  return(list(r,m))
}

```

FUNCIÓN Fun_clas_obs

```

# Función que permite crear la clasificación de varios observadores

Fun_clas_obs <- function(r=r,NC=NC){
  mensaje0 <- "This phase allows you to generate several observers defining the"
  mensaje00 <- "accuracy of each one in relation to the gold standard between 0
and 1"
  mensajet1 <- rbind(mensaje0,mensaje00)
  rownames(mensajet1) <- c("", "")
  colnames(mensajet1) <- ""
  print(mensajet1, quote=FALSE)

  num <- readline("Enter the number of observers =")
  num <- as.numeric(num)
  N = num
  accu <- numeric()
  for (i in 1:N) {
    acc <- readline(paste("Minimal accuracy of the observer(0-1)",i,"="))

```

```

    acc <- as.numeric(acc)
    accu[i] <- acc
  }

mal.cla <- numeric(num)
recla <- numeric(num)
vo <- numeric(num)
simul.algo2 <- as.data.frame(replicate(N,r))
for (i in 1:N) {
  mal.cla[i] <- nrow(simul.algo2)*(1-accu[i])
  recla[i] <- round(nrow(simul.algo2)/mal.cla[i])
  vo[i] <- recla[i]-1
}

for (j in 1:N) {
  vol <- vo[j]
  recla1 <- recla[j]
  mal.cla1 <- mal.cla[j]

  for (i in 1:mal.cla1) {
    if ((vol+i+1)<=nrow(simul.algo2)){
      simul.algo2[i+vol,j] <- as.numeric(sample(x=1:NC, size = 1,replace =
TRUE) )
      vol = vol+i+recla1-(i+1)}
    }
  }

r2 <- data.frame(cbind(r,simul.algo2))
names(r2) <- 1:(num+1)
return(list(
  r2 <- r2,
  accu <- accu
))
}

```

FUNCIÓN base_datos

```

base_datos <- function(r2=r2){

  r2 <- Fun_cam_cate(r2=r2)
  le <- levels(r2[,1])
  NC <- as.numeric(length(le)) # Numero de categorias
  tamano.muestral <- as.numeric(nrow(r2))
  n1 <- as.numeric(ncol(r2)) # numero de observadores
  num_obs <- ncol(r2) # Numero de observadores

  return(list(
    NC <- NC,
    tamano.muestral <- tamano.muestral,
    r2 <- r2,
    n1 <- n1,
    num_obs <- num_obs
  ))
}

```

FUNCIÓN Fun_carac

```

# Función para obtener gráficas de características
Fun_carac <- function(r2=r2, data=data, NC=NC, L=L,
tamano.muestral=tamano.muestral){
  # Grafica para observar las características de los datos
  num_col <- as.numeric(ncol(r2))

  if (L==1){
    nombres <- dimnames(r2)[[2]]
    le <- as.character(1:NC)
  }
  if (L!=1){

```

```

nombres <- dimnames(data)[[2]]
le <- levels(as.factor(data[,1]))
}

Freq_int <- list()
for (i in 1:num_col) {
  pdf(paste("Features_obs",i,"_",tamano.muestral,".pdf"))
  barplot(freqCI(as.factor(r2[,i])), col = c("lightgreen", "aquamarine",
"burlywood1", "coral1"),
        xlab="Categories",ylab="Percentage", main = paste("Frequencies with
confidence intervals - ",nombres[i]))
  legend("topleft", le,col = c("lightgreen", "aquamarine", "burlywood1",
"coral1"),
        lty= 1,cex = 0.5)

  if (L==1){
    Freq_int[[i]] <- freqCI(r2[,i])
  }
  if (L!=1){
    Freq_int[[i]] <- freqCI(data[,i])
  }
  dev.off()
}
}

```

FUNCIÓN Analisis_frecue

```

Analisis_frecue <- function(r2=r2, n1=n1,NC=NC){

# ANALISIS DISCRIMINANTE
  lista3 <- Fun_ana_disc(r2=r2, n1=n1) # Calcula: Overall Statistics y
Statistics by Class

# Impresión de datos
  lis_final <- Fun_imp_trad(r2=r2, lista3=lista3, n1=n1) # Entrega de
resultados
  return(lis_final <- lis_final)
}

```

FUNCIÓN Fun_ana_disc

```

# Función para el análisis discriminante

Fun_ana_disc <- function(r2=r2, n1=n1){
  matrix2 <- matrix()
  kap <- c("unweighted KappaLower", "Kappa" ,"unweighted KappaUpper")
  c =NULL

  for (j in 1:(n1-1)) {
    for (i in j:(n1-1)) {
      data <- r2[,j]
      data2 <- r2[, (i+1)]

      tab1 <- table(data2, data) # Constatar que no exista categorías faltantes
      if(nrow(tab1)!=ncol(tab1)){
        conf.table <- mis_Conf_Mat(real=data,pred=data2)}

      if(nrow(tab1)==ncol(tab1)){
        conf.table<- (confusionMatrix(as.factor(data2), as.factor(data)))} #
Para el caso que las categorias sean iguales en los dos datos

      d <- as.matrix(conf.table$overall)[-2,]
      d <- as.matrix(d)

      g <- round((as.matrix(cohen.kappa(cbind(data, data2),
alpha=0.05)$confid)[1,]),6)
      names(g) <- kap
      g <- t(t(g))
    }
  }
}

```

```

        d <- rbind(d,g)
        matrix2 <- cbind(c,d)
        c=matrix2
    }
}
return(matrix2)
}

```

FUNCIÓN mis_Conf_Mat

```

# Matriz de confusión en el caso de tener categorías faltantes (missing)

mis_Conf_Mat <- function(real=data,pred=data2) {
  act <- as.integer(real)
  pred <- as.integer(pred)
  u <- union(pred, act) # realizo la union para obtener todas las clases
  u <- u[order(u)] # ordeno
  t <- table(factor(pred, u), factor(act, u)) # hago la tabla, el factor completa
  los_ceros
  conf.table <- confusionMatrix(t)
  return(conf.table)
}

```

FUNCIÓN Fun_imp_trad

```

# Funcion para consultar que imprimir
Fun_imp_trad <- function(r2=r2, lista3=lista3, n1=n1){
  sta_over <- lista3
  lis_final <- as.data.frame(sta_over) # escoje las columnas
  lis_final <- round(lis_final,6)
  lis_final <- as.data.frame(lis_final)
  name <- character()

  t <- 0
  for (j in 1:(n1-1)) {
    for (i in j:(n1-1)) {
      name[i+t] <- paste(as.character(j), "-", as.character(i+1))
      te <- (i+t)
    }
    t <- (te-j)
  }
  names(lis_final) <- name
  return(lis_final)
}

```

FUNCIÓN Analisis_bayes

```

# Análisis bayesiano para todos los modelos con todos los pares posibles
Analisis_bayes <- function(r2=r2, n1=n1, NC=NC,
  tamano.muestral=tamano.muestral, lis_final=lis_final, chai=chai,
  burni=burni, updatel=updatel, iter_thin=iter_thin, thinl=thinl,
  models=models, Stat_by_clas=Stat_by_clas, DIC_=DIC_){

  models <- as.numeric(models)

  if (models==1){
    Modelo1 <- Mod_Di_Di(r2=r2,n1=n1,NC=NC,tamano.muestral=tamano.muestral,chai=chai,burni=bu
rni,update1=updatel, iter_thin=iter_thin, thinl=thinl,DIC_=DIC_)
    mcmc_sample1 <- Modelo1[[1]]
    DIC <- Modelo1[[2]]
  }

  if (models==2){
    Modelo1 <- Mod_Di_Mul(r2=r2,n1=n1,NC=NC,tamano.muestral=tamano.muestral,chai=chai,burni=b
urni,update1=updatel, iter_thin=iter_thin, thinl=thinl,DIC_=DIC_)
    mcmc_sample1 <- Modelo1[[1]]
    DIC <- Modelo1[[2]]
  }
}

```

```

    if (models==3){
      Modelo1
      Mod_Be_Be(r2=r2,n1=n1,NC=NC,tamano.muestral=tamano.muestral,chai=chai,burni=bu
rni,update11=update1, iter_thin=iter_thin, thin1=thin1,DIC_=DIC_)
      mcmc_sample1 <- Modelo1[[1]]
      DIC <- Modelo1[[2]]
    }
#-----
# Graficas Kappa frecuentista VS Kappa Bayesiano - Grafica número de iteraciones
Kappa

Fungraf_freq_bay(r2=r2,n1=n1,tamano.muestral=tamano.muestral,mcmc_sample1=mcmc
_sample1)

#-----
# Análisis de convergencia , estacionariedad e independencia
# Gelman Rubin - Diagnostico de Raftery-Lewis - Cramer Von Mises
y <- mcmc_sample1
Repor_Gelm_Raf <- Fun_Gelm_Raft(y=y, lis_final=lis_final,
tamano.muestral=tamano.muestral)

#-----
# Test de estacionariedad, utiliza la estadística de Cramer Von Mises
p_valor <- p_valor_est(y=y,n1=n1,lis_final=lis_final,chai=chai)

#-----
# Reporte final de datos Bayesianos y Totales

Rep_final <- Repor_final(lis_final=lis_final, mcmc_sample1=mcmc_sample1,
p_valor=p_valor, DIC=DIC, Stat_by_clas=Stat_by_clas,NC=NC)
#-----
return(list(
  mcmc_sample1 <- mcmc_sample1,
  Repor_Gelm_Raf <- Repor_Gelm_Raf,
  Rep_final <- Rep_final
))
}

```

FUNCIÓN Mod_Di_Di

```

# Modelo bayesiano con dos distribuciones Dirichlet

Mod_Di_Di <- function(r2=r2, n1=n1, NC=NC, tamano.muestral=tamano.muestral,
chai=chai,burni=burni, update11=update1, iter_thin=iter_thin,
thin1=thin1, DIC_=DIC_){

  mensaje0 <- "You want to perform a Bayesian analysis assuming that all
categories"
  mensaje00 <- "are equiprobable."
  mensaje1 <- ""
  mensaje2 <- "1= Yes"
  mensaje3 <- "2= Not"
  mensajet1 <- rbind(mensaje0,mensaje00,mensaje1,mensaje2,mensaje3)
  rownames(mensajet1) <- c("", "", "", "", "")
  colnames(mensajet1) <- ""
  print(mensajet1, quote=FALSE)

  num <- readline("Option=")
  num <- as.numeric(num)

  if (num!=2){p <- rep(1,NC)}
  if (num==2){
    p <- numeric()
    for (i in 1:NC) {
      p[i] <- readline(paste("Enter the probability of the category",i,"="))
    }
  }
}

```

```

    p <- as.numeric(p)
  }
  r21 <- list()
  DIC <- numeric()
  t <- 0
  for (j in 1:(n1-1)) {
    for (i in j:(n1-1)) {
      rater1 <- r2[,j]
      rater1 <- as.numeric(rater1)
      rater2 <- r2[, (i+1)]
      rater2 <- as.numeric(rater2)
      agreement <- rater1 == rater2
      n_categories <- NC
      n_ratings <- tamano.muestral
      prob <- p
      Model <- "model {

# Verosimilitud

kappa <- (p_agreement - expected_agreement) / (1 - expected_agreement)
expected_agreement <- sum(p1 * p2)

for(i in 1:n_ratings) {
  rater1[i] ~ dcat(p1)
  rater2[i] ~ dcat(p2)
  agreement[i] ~ dbern(p_agreement)
}

# Parametros prior
p1 ~ ddirch(alpha)
p2 ~ ddirch(alpha)
p_agreement ~ dbeta(1, 1)
alpha <- prob
}"

# Ejecucion del modelo bayesiano
Model_jags <- jags.model(file = textConnection(Model),
  data = list(rater2 = rater2, rater1 = rater1, prob=prob,
    agreement = agreement, n_ratings = n_ratings),
  n.chains= as.numeric(chai), n.adapt= as.numeric(burni))
# n.adapt es el periodo de aceptación

update(Model_jags, as.numeric(update11))
mcmc_sample <- coda.samples(Model_jags, variable.names="kappa",
  n.iter=iter_thin, thin = thin1, na.rm = TRUE)

if (DIC_==1){
  DIC[i+t] <- round(sum(dic.samples(Model_jags, n.iter=iter_thin, thin =
    thin1, "pD", na.rm=TRUE)$deviance), 5) }
if (DIC_!=1){DIC[i+t] <- 0}
r21[[i+t]] <- mcmc_sample
te <- (i+t)
}
t <- (te-j)
}
return(list(
  mcmc_sample1 <- r21,
  DIC <- DIC
))}

```

FUNCIÓN Mod_Di_Mul

```

# Modelo bayesiano con una distribución Dirichlet y una multinomial

Mod_Di_Mul <- function(r2=r2, n1=n1, NC=NC, tamano.muestral=tamano.muestral,
  chai=chai, burni=burni, update11=update1, iter_thin=iter_thin,
  thin1=thin1, DIC_=DIC_){

```

```

mensaje0 <- "You want to perform a Bayesian analysis assuming that all
categories"
mensaje00 <- "are equiprobable."
mensaje1 <- ""
mensaje2 <- "1= Yes"
mensaje3 <- "2= Not"
mensajet1 <- rbind(mensaje0,mensaje00,mensaje1,mensaje2,mensaje3)
rownames(mensajet1) <- c("", "", "", "", "")
colnames(mensajet1) <- ""
print(mensajet1, quote=FALSE)

num <- readline("Option=")
num <- as.numeric(num)

if (num!=2){p <- rep(1,NC)}
if (num==2){
  p <- numeric()
  for (i in 1:NC) {
    p[i] <- readline(paste("Enter the probability of the category",i,"="))
  }
  p <- as.numeric(p)
}

r2l <- list()
DIC <- numeric()
t <- 0
for (j in 1:(n1-1)) {
  for (i in j:(n1-1)) {
    rater1 <- r2[,j]
    rater1 <- as.numeric(rater1)
    rater2 <- r2[, (i+1)]
    rater2 <- as.numeric(rater2)
    agreement <- rater1 == rater2
    n_categories <- NC
    n_ratings <- tamaño.muestral
    prob <- p
    Model <- "model {

# Verosimilitud

kappa <- (p_agreement - expected_agreement) / (1 - expected_agreement)
expected_agreement <- sum(p1 * p2)

for(i in 1:n_ratings) {
  rater1[i] ~ dcat(p1)
  rater2[i] ~ dcat(p2)
  agreement[i] ~ dbern(p_agreement)
}

# Parametros prior
p1 ~ ddirch(alpha)
p2 ~ dmulti(alpha,1)
p_agreement ~ dbeta(1, 1)

alpha <- prob
}"

# Ejecucion del modelo bayesiano
Model_jags <- jags.model(file = textConnection(Model),
  data = list(prob=prob,agreement = agreement,
    n_ratings = n_ratings),chains = as.numeric(chai),
    n.adapt= as.numeric(burni))
# n.adapt es el periodo de aceptación

update(Model_jags, as.numeric(update11))
mcmc_sample <- coda.samples(Model_jags, variable.names="kappa",
  n.iter=iter_thin,thin = thin1,na.rm = TRUE)

```

```

    if (DIC_==1){
      DIC[i+t] <- round(sum(dic.samples(Model_jags,n.iter=iter_thin,thin =
        thin1,"pD", na.rm=TRUE)$deviance),5)
    }
    if (DIC_!=1){DIC[i+t] <- 0}
    r2l[[i+t]] <- mcmc_sample
    te <-(i+t) }
    t <- (te-j)
  }
  return(list(
    mcmc_sample1 <- r2l,
    DIC <- DIC
  ))
}

```

FUNCIÓN Mod_Be_Be

```

# Modelo bayesiano con dos distribuciones Beta

Mod_Be_Be <- function(r2=r2, n1=n1, NC=NC, tamano.muestral=tamano.muestral,
  chai=chai, burni=burni,update1=update1, iter_thin=iter_thin,
  thin1=thin1, DIC_=DIC_){

  mensaje0 <- "You want to perform a Bayesian analysis assuming that all
categories"
  mensaje00 <- "are equiprobable."
  mensaje1 <- ""
  mensaje2 <- "1= Yes"
  mensaje3 <- "2= Not"
  mensajet1 <- rbind(mensaje0,mensaje00,mensaje1,mensaje2,mensaje3)
  rownames(mensajet1) <- c("", "", "", "", "")
  colnames(mensajet1) <- ""
  print(mensajet1, quote=FALSE)

  num <- readline("Option=")
  num <- as.numeric(num)

  if (num!=2){p <- rep(1,NC)}
  if (num==2){
    p <- numeric()
    for (i in 1:NC) {
      p[i] <- readline(paste("Enter the probability of the category",i,"="))
    }
    p <- as.numeric(p)
  }

  r2l <- list()
  DIC <- numeric()
  t <- 0
  for (j in 1:(n1-1)) {
    for (i in j:(n1-1)) {
      rater1 <- r2[,j]
      rater1 <- as.numeric(rater1)
      rater2 <- r2[, (i+1)]
      rater2 <- as.numeric(rater2)
      agreement <- rater1 == rater2
      n_categories <- NC
      n_ratings <- tamano.muestral
      prob <- p
      Model <- "model {

# Verosimilitud

      kappa <- (p_agreement - chance_agreement) / (1 - chance_agreement)
      chance_agreement <- sum(p1 * p2)

      for(i in 1:n_ratings) {
        agreement[i] ~ dbern(p_agreement)
      }

```



```

# Parametros priori

p_agreement ~ dbeta(1, 1)

for( i in 1:n_categories) {
  p1[i] ~ dbeta(prob[i],n_ratings)
  p2[i] ~ dbeta(prob[i],n_ratings)
}

}"

# Ejecución del modelo bayesiano
Model_jags <- jags.model(file = textConnection(Model),
  data = list(prob=prob,agreement = agreement,
    n_ratings = n_ratings,n_categories =
    n_categories),n.chains= as.numeric(chai),
    n.adapt= as.numeric(burni))

update(Model_jags, as.numeric(update11))
mcmc_sample <- coda.samples(Model_jags, variable.names="kappa",
  n.iter=iter_thin,thin = thin1,na.rm = TRUE)

if (DIC_==1){
  DIC[i+t] <- round(sum(dic.samples(Model_jags,n.iter=iter_thin,thin =
    thin1,"pD", na.rm=TRUE)$deviance),5)
}
if (DIC_!=1){DIC[i+t] <- 0}
r21[[i+t]] <- mcmc_sample
te <-(i+t)
}
t <- (te-j)
}
return(list(
  mcmc_sample1 <- r21,
  DIC <- DIC ))}

```

FUNCIÓN Fungraf_freq_bay

```

Fungraf_freq_bay <- function(r2=r2, n1=n1, tamano.muestral=tamano.muestral,
  mcmc_sample1=mcmc_sample1){

  mensaje <- Fun_men3()
  print(mensaje, quote=FALSE)
  read <- readline(prompt = "Option=")
  if ( !(read %in% c(3,2,1) ) ){ message("It is not a valid number"); read<-NULL}
  else if (read == 1) {

    col1 <- readline("Enter the first column to be analyzed=")
    col1 <- as.numeric(col1)

    co22 <- readline("Enter the second column to be analyzed=")
    co22 <- as.numeric(co22)

    data <- as.numeric(r2[,col1]) # Se crean los archivos a graficar
    data2 <- as.numeric(r2[,co22])

    x <- cbind(data, data2) # defino la variable

    # La siguiente función busca un kappa para cada fila
    ck.boot <-function(x,s=1:nrow(x)) {cohen.kappa(x[s,])$kappa} # se define la
      funcion estadística que en este caso es determinar kappa
    ckb <- boot(x,ck.boot,R=100) # Genero R replicas Bootstrap
    y <- ckb$t

    # Me da el número interno que debo escoger en la lista de la kappa posteriori
    t <- 0
    for (i in 1:n1) {

```

```

        if ((col1==i)){ # ojo revisar solo me da si se escoje en orden primero
el menor
        nu <- t + abs(co22-col1)
        }
        t <- t+3
        if (i==2){
            t<- t-1
        }}

z <- as.matrix(mcmc_sample1[[nu]])
a <- min(y,z)
b <- max(y,z)
c <- max(c(max((density(y))$y),max((density(z))$y)))

par(mfrow = c(2,1))
pdf(paste("Density_kapp_",tamano.muestral,".pdf"))
plot(density(y), col="blue", main=paste("Kappa frequentist VS kappa
bayesian",col1,"-",co22),xlab=paste("Kappa
", "TM:",tamano.muestral),ylab="Density",lwd=2, xlim=c(a,b),ylim=c(0,c))
lines(density(z), col="red",lwd=2)
legend("topright", c("K Frequentist", "K Bayesian"),
      lty = 1,col = c("blue", "red"), cex = 1)

plot(mcmc_sample1[[1]],xlab=paste("kappa Bayesian",col1,"-",co22,"-
", "TM:",tamano.muestral))
dev.off()
}
else if (read == 2) {
    t = 0
    #r22 <- as.list(r2) # creo cada par de datos
    for (j in 1:(n1-1)) {
        for (i in j:(n1-1)) {
            data <- as.numeric(r2[,j])
            data2 <- as.numeric(r2[, (i+1)])
            x <- cbind(data, data2) # defino la variable

# La siguiente función busca un kappa para cada fila
            ck.boot <-function(x,s=1:nrow(x)) {cohen.kappa(x[s,])$kappa}
            ckb <- boot(x,ck.boot,R=100)
            y <- ckb$t

            z <- as.matrix(mcmc_sample1[[i+t]])

            a <- min(y,z)
            b <- max(y,z)
            c <- max(c(max((density(y))$y),max((density(z))$y)))
            name <- paste(as.character(j),"-",as.character(i+1))

            par(mfrow = c(2,1))
            pdf(paste("Density_kapp_",j,(i+1),"_",tamano.muestral,".pdf"))

            plot(density(y), col="blue", main=paste("kappa frequentist VS kappa
bayesian",name),xlab=paste("Kappa
", "TM:",tamano.muestral),ylab="Density",lwd=2,
            xlim=c(a,b),ylim=c(0,c))
            lines(density(z), col="red",lwd=2)
            legend("topright", c("K frequentist", "K Bayesian"),
            lty = 1,col = c("blue", "red"), cex = 1)

            plot(mcmc_sample1[[i+t]],xlab=paste("kappa Bayesian ", name,"-
", "TM:",tamano.muestral))
            dev.off()
            te <- t+i
        }
        t <- (te-j)}}
else if (read == 3) {read <- NULL}}

```

FUNCIÓN p_valor_est

```
# p-valor de estacionariedad
p_valor_est <- function(y=y,n1=n1,lis_final=lis_final,chai=chai){
  lis_an <- data.frame()
  cad1 <- numeric()
  cad2 <- numeric()
  num <- as.numeric(length(lis_final))

  for (i in 1:num) {
    x <- y[[i]] # Definiendo datos

    # Test de estacionariedad, utiliza la estadística de Cramer Von Mises
    c <- heidel.diag(x)
    cad1[i] <- round(c[[1]][3],6)
    cad2[i] <- round(c[[2]][3],6)
    if (chai>=3){cad3[i] <- round(c[[2]][3],6)}
    if (chai>=4){cad4[i] <- round(c[[2]][3],6)}
    if (chai>=5){cad5[i] <- round(c[[2]][3],6)}
  }

  if (chai==2){lis_an <- as.data.frame(rbind(cad1,cad2))}
  if (chai==3){lis_an <- as.data.frame(rbind(cad1,cad2,cad3))}
  if (chai==4){lis_an <- as.data.frame(rbind(cad1,cad2,cad3,cad4))}
  if (chai==5){lis_an <- as.data.frame(rbind(cad1,cad2,cad3,cad4,cad5))}
  name <- character()
  t <- 0
  for (j in 1:(n1-1)) {
    for (i in j:(n1-1)) {
      name[i+t] <- paste("p_val ",as.character(j),"-",as.character(i+1))
      te <- (i+t)
    }
    t <- (te-j)
  }
  names(lis_an) <- name
  return(lis_an)}

FUNCIÓN Report_final
Repor_final <- function(lis_final=lis_final, mcmc_sample1=mcmc_sample1,
  p_valor=p_valor, DIC=DIC,Stat_by_clas=Stat_by_clas, NC=NC){
  namel <- c("Bayesian KappaLower","Bayesian Kappa","Bayesian
    KappaUpper","Skewness BayesianKappa","Kurtosis BayesianKappa")

  num_pos <- as.numeric(length(lis_final)) # Numero de posibilidades de parejas
  Repor <- matrix()
  N1 <- NULL
  d1 <- character()
  d2 <- character()

  for (i in 1:num_pos) {
    x <- mcmc_sample1[[i]]
    bas <- basicStats(x)
    r <- rownames(bas)[15:16]
    bas <- bas[15:16,]
    names(bas) <- r
    bas <- as.data.frame(bas)
    names(bas) <- paste("Bayesian Report",i)
    t <- as.data.frame(summary(mcmc_sample1[[i]])$quantiles)
    bas <- as.matrix(round(rbind(t[1,],t[3,],t[5,],bas),6))
    Repor <- cbind(N1,bas)
    N1 <- Repor
    d1[i] <- ""
    d2[i] <- ""
  }

  rownames(Repor) <- namel
  li <- as.matrix(lis_final)
  p_valor <- as.matrix(p_valor)
  Stat_by_clas <- as.matrix(Stat_by_clas)
```

```

Stat1 <- Stat_by_clas[1:NC,]
Stat1 <- rbind(d1,Stat1)
row.names(Stat1)[1] <- ("Sensitivity - Frecuentista")
Stat2 <- Stat_by_clas[(NC+1):(NC*2),]
Stat2 <- rbind(d1,Stat2)
row.names(Stat2)[1] <- ("Especificity - Frecuentista")

Rep_Freq_Bay <- rbind(d1,li,d2,d2,Repor,DIC,d2,p_valor,Stat1,Stat2)
row.names(Rep_Freq_Bay)[1] <- ("Frecuentista report")
row.names(Rep_Freq_Bay)[11] <- ""
row.names(Rep_Freq_Bay)[12] <- "Bayesian report"
row.names(Rep_Freq_Bay)[18] <- "DIC"
row.names(Rep_Freq_Bay)[19] <- "Stationarity p-value"

return(Reporte_Total = Rep_Freq_Bay)
}

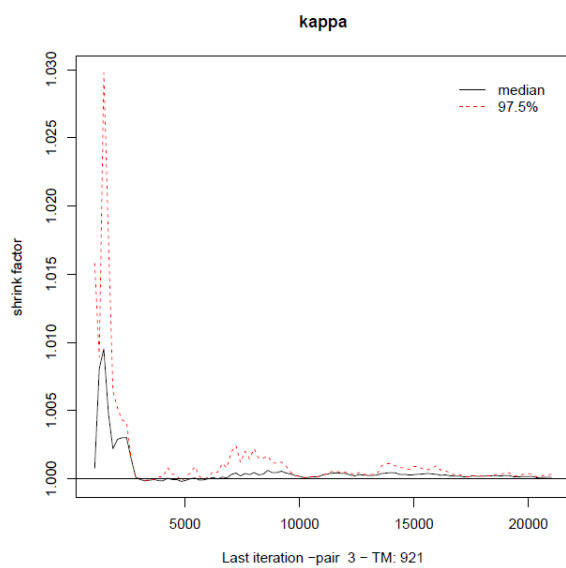
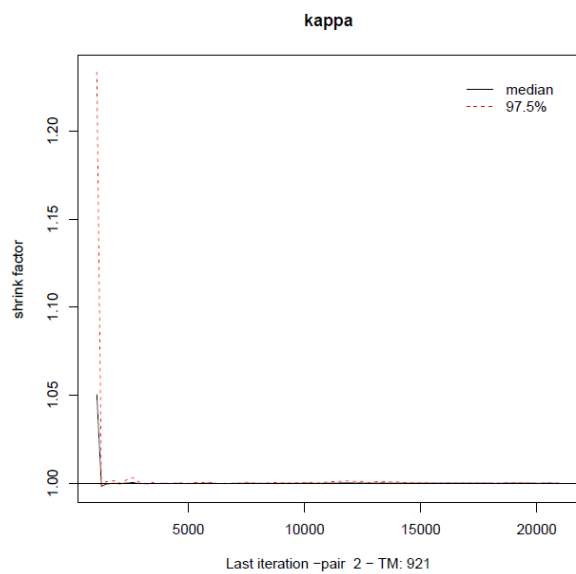
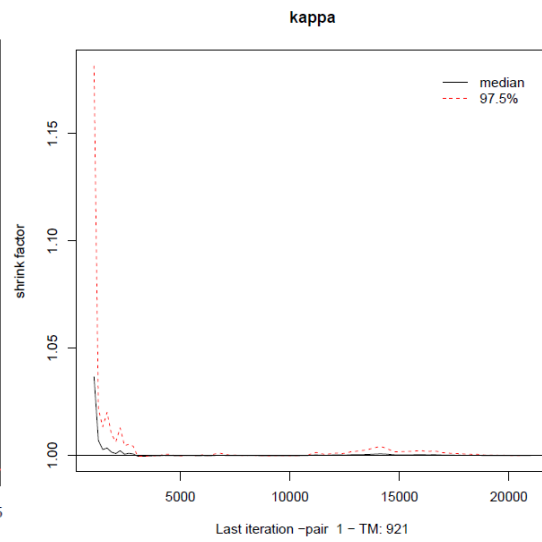
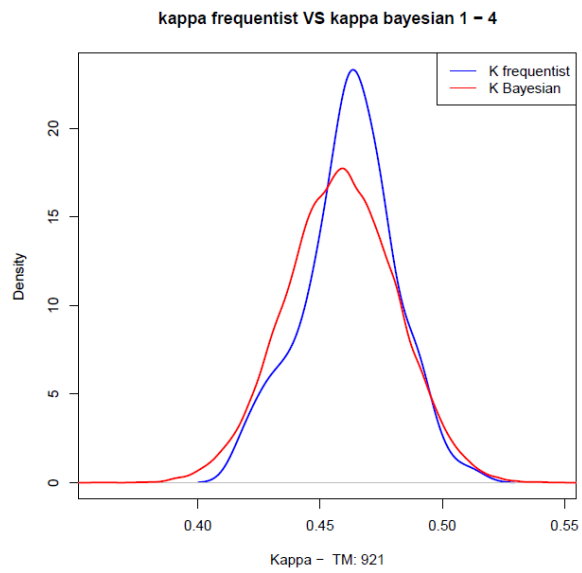
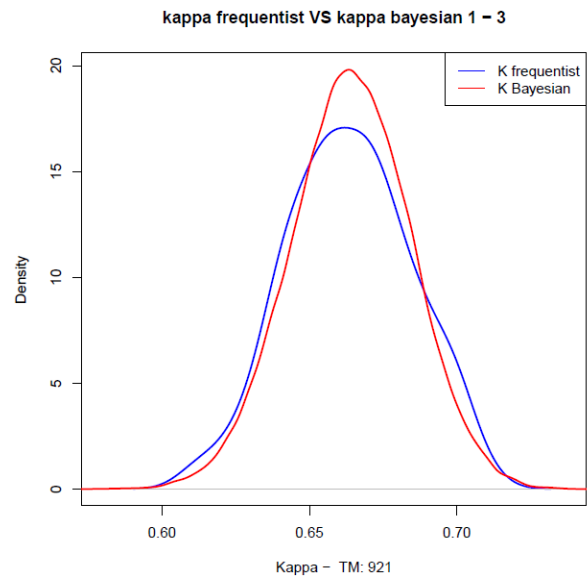
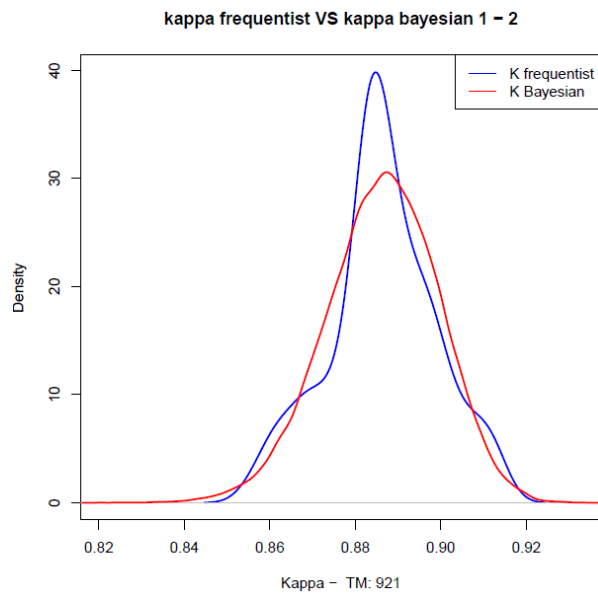
```

Apéndice B

A continuación, se presenta los informes finales con cada modelo planteado y gráficas entre observadores y *gold estándar*. Los resultados completos de las distintas parejas posibles se encuentran publicadas en la dirección <https://github.com/RicardoBorja>.

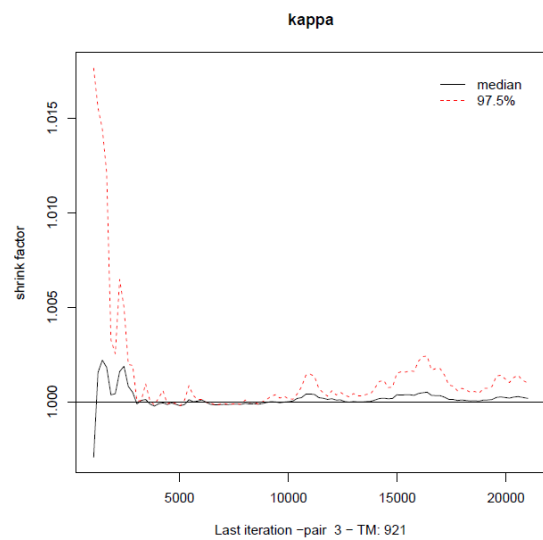
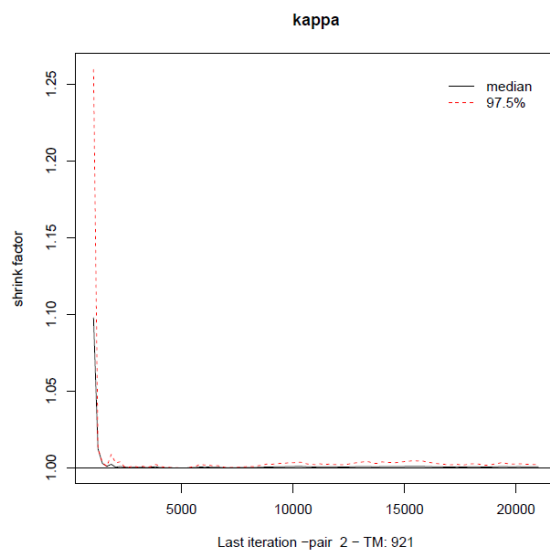
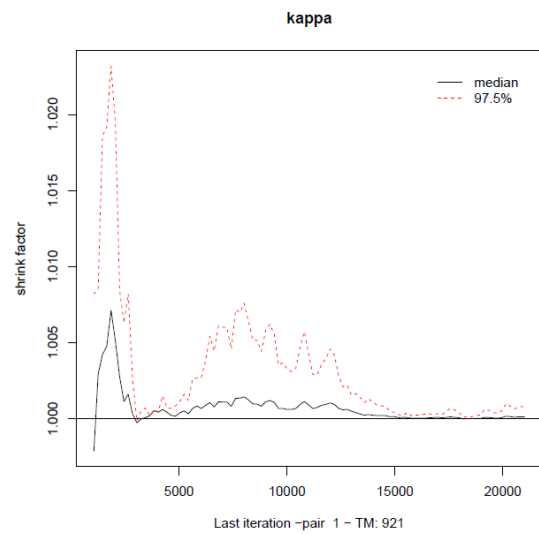
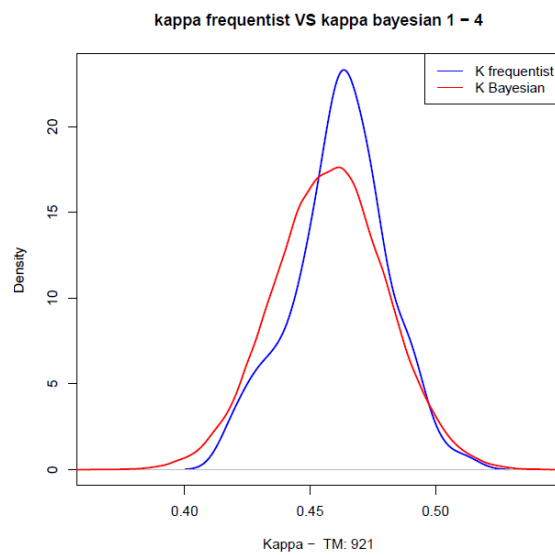
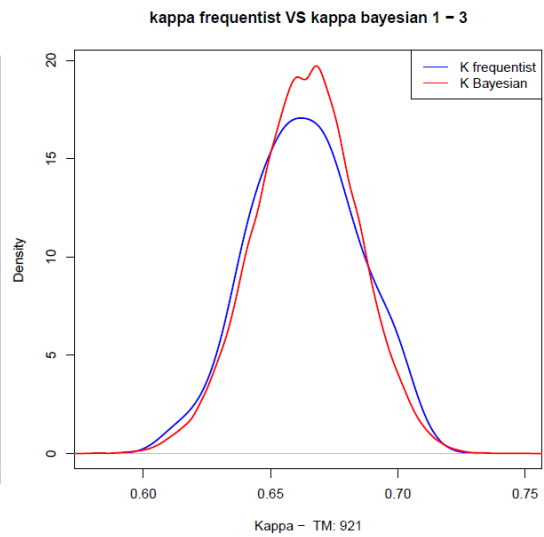
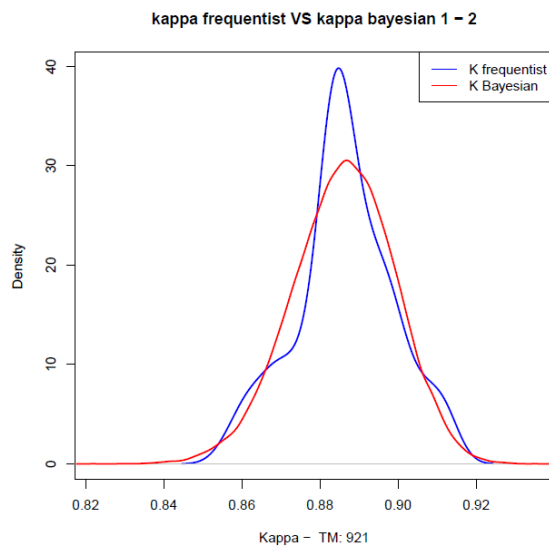
INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 921 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – equiprobable

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frequentista report</i>						
<i>Accuracy</i>	0.925081	0.767644	0.605863	0.722041	0.605863	0.484256
<i>AccuracyLower</i>	0.90614	0.738993	0.573463	0.691886	0.573463	0.451532
<i>AccuracyUpper</i>	0.941244	0.794571	0.637584	0.750768	0.637584	0.517081
<i>AccuracyNull</i>	0.456026	0.456026	0.456026	0.432139	0.432139	0.388708
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>McNemarPValue</i>	3.1e-05	0	0	4e-06	0	3.9e-05
<i>unweighted KappaLower</i>	0.862243	0.626496	0.418932	0.584653	0.423625	0.269164
<i>Kappa</i>	0.88734	0.664154	0.45816	0.603766	0.463001	0.309135
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.912437	0.701811	0.497387	0.642879	0.502376	0.349106
<i>Bayesian report</i>						
<i>Bayesian KappaLower</i>	0.859277	0.623615	0.413323	0.56153	0.419243	0.265771
<i>Bayesian Kappa</i>	0.886722	0.664033	0.458551	0.603663	0.463451	0.309741
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.910395	0.702336	0.502053	0.643783	0.506567	0.353412
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-0.212926	-0.084468	-0.041112	-0.075726	-0.029085	-0.005201
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	0.018148	0.026609	-0.019712	-0.003872	0.001752	-0.033194
<i>DIC</i>	4938.50781	5692.3982	6159.76347	5984.24241	6361.51073	6647.86579
<i>Stationarity p-value</i>						
<i>cad1</i>	0.181122	0.493388	0.919679	0.479915	0.401772	0.457422
<i>cad2</i>	0.079482	0.561828	0.772747	0.091108	0.484084	0.190725
<i>Sensitivity – Frequentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05
<i>Especificity – Frequentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05



INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 921 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet –CON PREVALENCIA

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frecuentista report</i>						
<i>Accuracy</i>	0.925081	0.767644	0.605863	0.722041	0.605863	0.484256
<i>AccuracyLower</i>	0.90614	0.738993	0.573463	0.691886	0.573463	0.451532
<i>AccuracyUpper</i>	0.941244	0.794571	0.637584	0.750768	0.637584	0.517081
<i>AccuracyNull</i>	0.456026	0.456026	0.456026	0.432139	0.432139	0.388708
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>McNemarPValue</i>	3.1e-05	0	0	4e-06	0	3.9e-05
<i>unweighted KappaLower</i>	0.862243	0.626496	0.418932	0.564653	0.423625	0.269164
<i>Kappa</i>	0.88734	0.664154	0.45816	0.603766	0.463001	0.309135
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.912437	0.701811	0.497387	0.642879	0.502376	0.349106
<i>Bayesian report</i>						
<i>Bayesian KappaLower</i>	0.859037	0.622558	0.413228	0.561033	0.418869	0.265209
<i>Bayesian Kappa</i>	0.886528	0.663684	0.458073	0.603382	0.462765	0.309374
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.910382	0.702423	0.501119	0.644099	0.50624	0.353595
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-0.218942	-0.090101	-0.05162	-0.078706	-0.029357	0.006386
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	0.062385	0.016619	0.02591	0.065253	0.015435	0.020081
<i>DIC</i>	4936.89787	5690.82126	6158.16699	5984.28906	6361.51621	6647.88686
<i>Stationarity p-value</i>						
<i>cad1</i>	0.954208	0.700962	0.443621	0.997127	0.898986	0.96441
<i>cad2</i>	0.470886	0.822533	0.321401	0.170223	0.777365	0.60115
<i>Sensitivity – Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05
<i>Especificity – Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05



INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 921 - MODELO: Dirichlet-Multinomial - EQUIPROBABLE

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frecuentista report</i>						
<i>Accuracy</i>	0.925081	0.767644	0.605863	0.722041	0.605863	0.484256
<i>AccuracyLower</i>	0.90614	0.738993	0.573463	0.691886	0.573463	0.451532
<i>AccuracyUpper</i>	0.941244	0.794571	0.637584	0.750768	0.637584	0.517081
<i>AccuracyNull</i>	0.456026	0.456026	0.456026	0.432139	0.432139	0.388708
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>MonemarPValue</i>	3.1e-05	0	0	4e-06	0	3.9e-05
<i>unweighted KappaLower</i>	0.862243	0.626496	0.418932	0.564653	0.423625	0.269164
<i>Kappa</i>	0.88734	0.664154	0.45816	0.603766	0.463001	0.309135
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.912437	0.701811	0.497387	0.642879	0.502376	0.349106
<i>Bayesian report</i>						
<i>Bayesian KappaLower</i>	0.804478	0.414833	0.010705	0.291389	0.00542	-0.316939
<i>Bayesian Kappa</i>	0.908144	0.721428	0.529821	0.667982	0.530223	0.385987
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.933913	0.778333	0.615494	0.732891	0.615923	0.492017
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-4.748929	-5.017922	-10.709104	-23.57842	-4.53674	-5.530299
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	47.403565	58.512245	347.933281	1792.058128	40.683393	61.684813
<i>DIC</i>	491.30982	999.55576	1236.17662	1089.65523	1236.17105	1276.86074
<i>Stationarity p-value</i>						
<i>cad1</i>	0.831084	0.433238	0.398123	0.541486	0.550703	0.830081
<i>cad2</i>	0.680937	0.059265	0.097538	0.970626	0.499929	0.128869
<i>Sensitivity – Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05
<i>Especificity – Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 921 - MODELO: Dirichlet-Multinomial – CON PREVALENCIA

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frequentista report</i>						
<i>Accuracy</i>	0.925081	0.767644	0.605863	0.722041	0.605863	0.484256
<i>AccuracyLower</i>	0.90614	0.738993	0.573463	0.691886	0.573463	0.451532
<i>AccuracyUpper</i>	0.941244	0.794571	0.637584	0.750768	0.637584	0.517081
<i>AccuracyNull</i>	0.456026	0.456026	0.456026	0.432139	0.432139	0.388708
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>McnemarPValue</i>	3.1e-05	0	0	4e-06	0	3.9e-05
<i>unweighted KappaLower</i>	0.862243	0.626496	0.418932	0.564653	0.423625	0.269164
<i>Kappa</i>	0.88734	0.664154	0.45816	0.603766	0.463001	0.309135
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.912437	0.701811	0.497387	0.642879	0.502376	0.349106
<i>Bayesian report</i>						
<i>Bayesian KappaLower</i>	-2.383578	-11.599006	-18.320464	-12.27804	-18.589559	-24.03215
<i>Bayesian Kappa</i>	0.912164	0.737321	0.560526	0.687675	0.56232	0.428313
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.936977	0.787321	0.628479	0.742729	0.629117	0.507534
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-122.410385	-198.803684	-194.835609	-168.915531	-110.082295	-156.327958
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	16931.131813	39665.694873	38563.803652	30939.7073	14706.255018	27075.51835
<i>DIC</i>	491.30112	999.56712	1236.16497	1089.65626	1236.17274	1276.87574
<i>Stationarity p-value</i>						
<i>cad1</i>	0.131094	0.380102	0.301733	0.032428	0.830444	0.878506
<i>cad2</i>	0.850792	0.47794	0.101644	0.902863	0.844706	0.578308
<i>Sensitivity – Frequentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05
<i>Especificity – Frequentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 921 - MODELO: Beta-Beta - EQUIPROBABLE

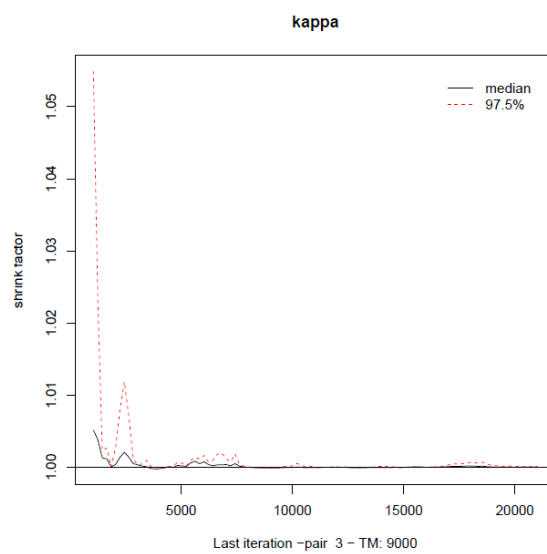
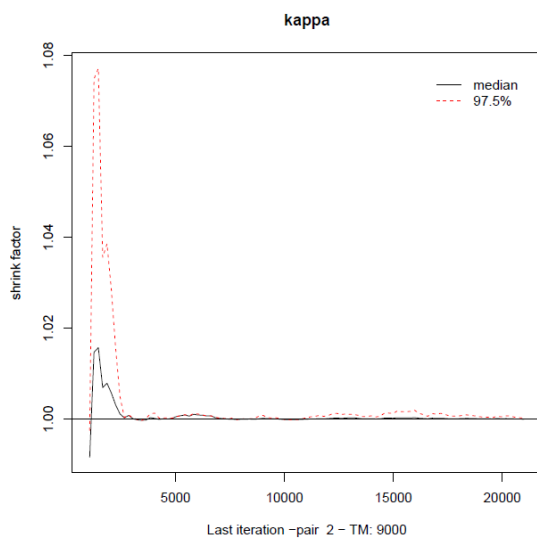
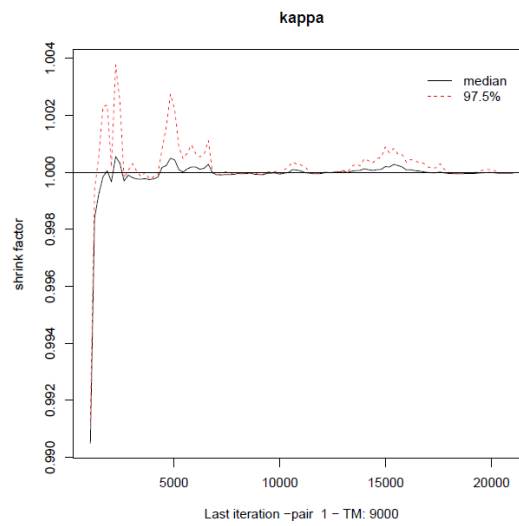
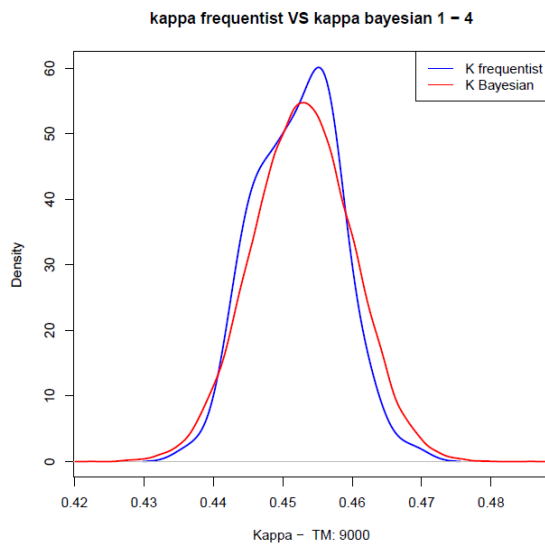
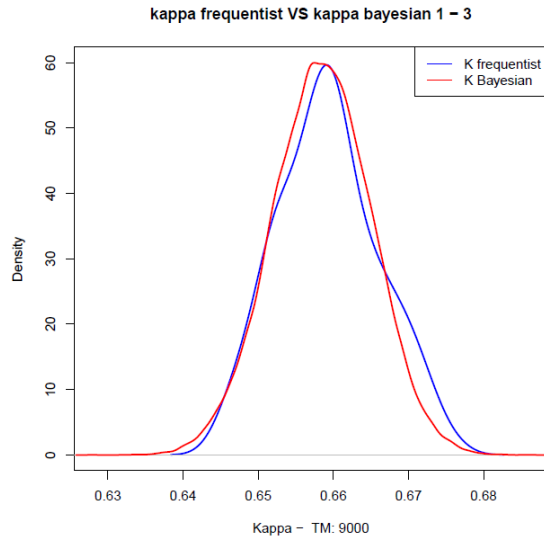
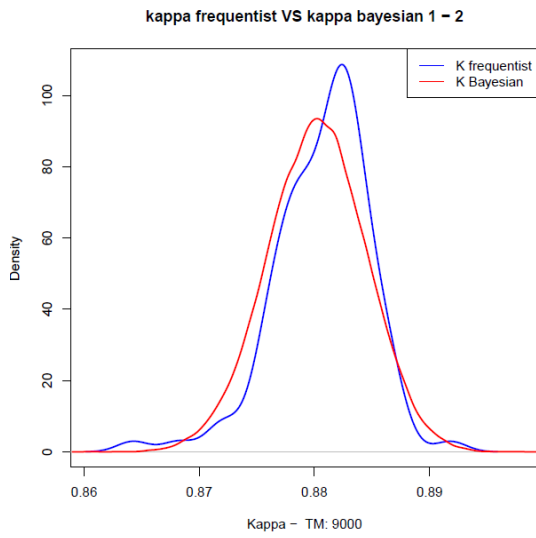
	1 - 2	1 - 3	1 - 4	2 - 3	2 - 4	3 - 4
<i>Frecuentista report</i>						
<i>Accuracy</i>	0.925081	0.767644	0.605883	0.722041	0.605863	0.484256
<i>AccuracyLower</i>	0.90614	0.738993	0.573463	0.691886	0.573463	0.451532
<i>AccuracyUpper</i>	0.941244	0.794571	0.637584	0.750768	0.637584	0.517081
<i>AccuracyNull</i>	0.456026	0.456026	0.456026	0.432139	0.432139	0.388708
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>McnemarPValue</i>	3.1e-05	0	0	4e-06	0	3.9e-05
<i>unweighted KappaLower</i>	0.862243	0.626496	0.418932	0.564653	0.423625	0.269164
<i>Kappa</i>	0.88734	0.664154	0.45816	0.603766	0.463001	0.309135
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.912437	0.701811	0.497387	0.642879	0.502376	0.349106
<i>Bayesian report</i>						
<i>Bayesian KappaLower</i>	0.906128	0.738907	0.574082	0.692023	0.573488	0.452126
<i>Bayesian Kappa</i>	0.924521	0.767147	0.60568	0.721794	0.605839	0.484378
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.940348	0.793658	0.63664	0.749888	0.636803	0.516751
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-0.23657	-0.087031	-0.026772	-0.083889	-0.043871	0.015423
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	0.115228	0.030156	0.028009	0.023041	0.036781	-0.037986
<i>DIC</i>	491.30948	999.55992	1236.18402	1089.66554	1236.17707	1276.87413
<i>Stationarity p-value</i>						
<i>cad1</i>	0.344233	0.961386	0.320187	0.959342	0.216822	0.189091
<i>cad2</i>	0.285086	0.690686	0.544616	0.537223	0.140804	0.852805
<i>Sensitivity - Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05
<i>Especificity - Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
<i>Class: 2</i>	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
<i>Class: 3</i>	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
<i>Class: 4</i>	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
<i>Class: 5</i>	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 921 - MODELO: Beta-Beta – CON PREVALENCIA

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frecuentista report</i>						
Accuracy	0.925081	0.767644	0.605863	0.722041	0.605863	0.484256
AccuracyLower	0.90614	0.738993	0.573463	0.691886	0.573463	0.451532
AccuracyUpper	0.941244	0.794571	0.637584	0.750768	0.637584	0.517081
AccuracyNull	0.456026	0.456026	0.456026	0.432139	0.432139	0.388708
AccuracyPValue	0	0	0	0	0	0
McnemarPValue	3.1e-05	0	0	4e-06	0	3.9e-05
unweighted KappaLower	0.862243	0.626496	0.418932	0.564653	0.423625	0.289164
Kappa	0.88734	0.664154	0.45816	0.603766	0.463001	0.309135
unweighted KappaUpper	0.912437	0.701811	0.497387	0.642879	0.502376	0.349106
<i>Bayesian report</i>						
Bayesian KappaLower	0.906367	0.739317	0.573726	0.692652	0.57407	0.452067
Bayesian Kappa	0.924431	0.767245	0.605644	0.721951	0.605733	0.484204
Bayesian KappaUpper	0.940523	0.793959	0.637263	0.749979	0.637248	0.516118
Skewness BayesianKappa	-0.193708	-0.068393	-0.014957	-0.059903	-0.022898	-0.004252
Kurtosis BayesianKappa	0.066931	-0.014007	0.039657	-0.012285	0.008087	-0.035776
DIC	491.325	999.55011	1236.17903	1089.64953	1236.17484	1276.8618
<i>Stationarity p-value</i>						
cad1	0.212843	0.153407	0.566166	0.090727	0.190671	0.520349
cad2	0.254569	0.615895	0.682291	0.888201	0.496366	0.81989
<i>Sensitivity – Frecuentista</i>						
Class: 1	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
Class: 2	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
Class: 3	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
Class: 4	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
Class: 5	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05
<i>Especificity – Frecuentista</i>						
Class: 1	0.89385	0.81564	0.60894	0.78488	0.63372	0.5
Class: 2	0.93515	0.72014	0.58362	0.6931	0.58621	0.50394
Class: 3	0.93095	0.78095	0.63333	0.77387	0.65075	0.57542
Class: 4	0.93103	0.75862	0.41379	0.48837	0.39535	0.18182
Class: 5	NA	NA	NA	0	0.16667	0.05

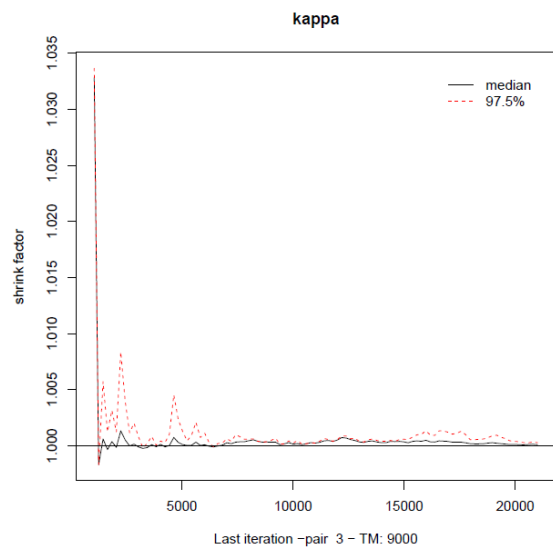
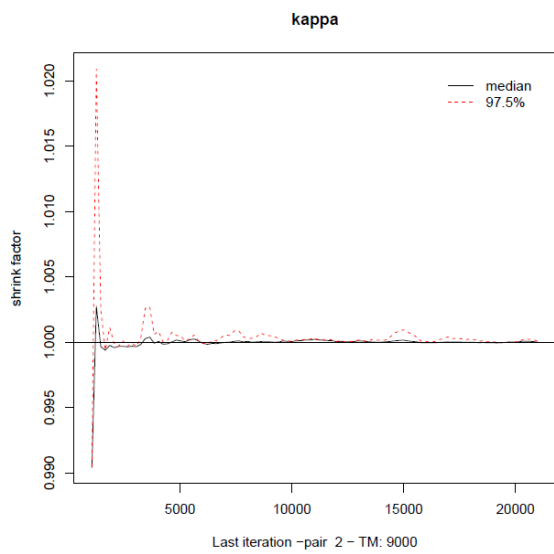
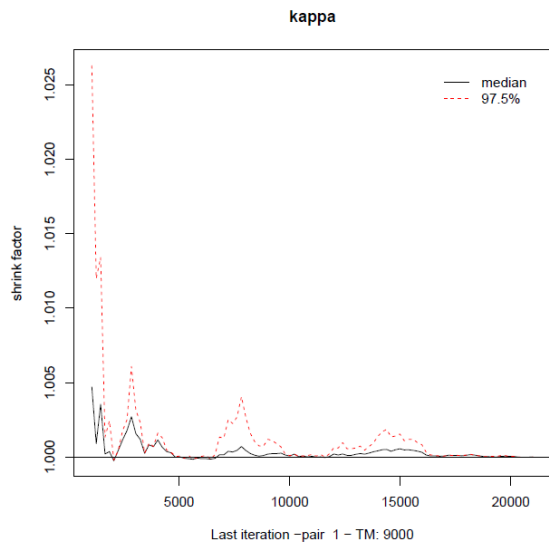
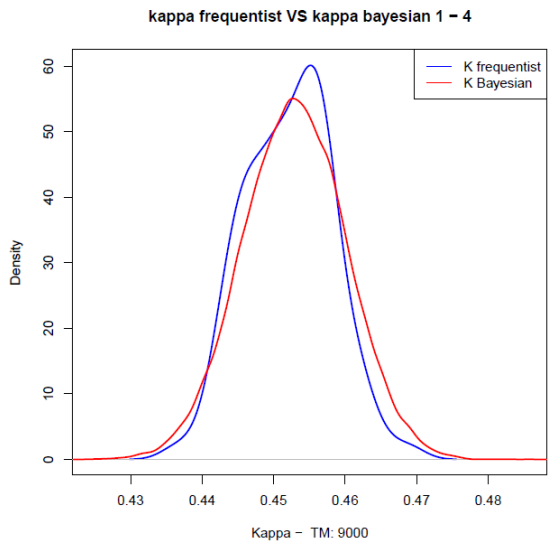
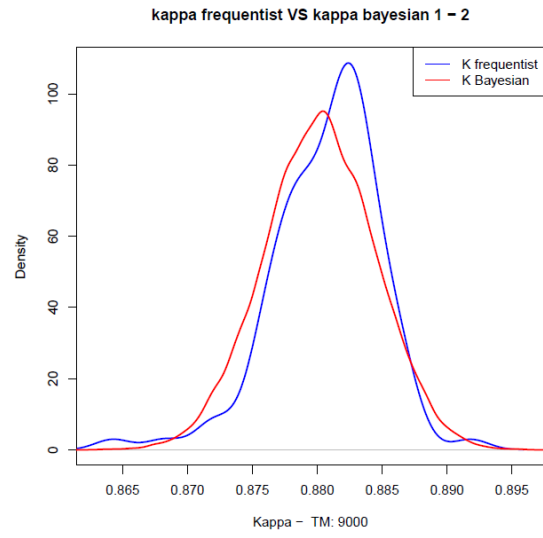
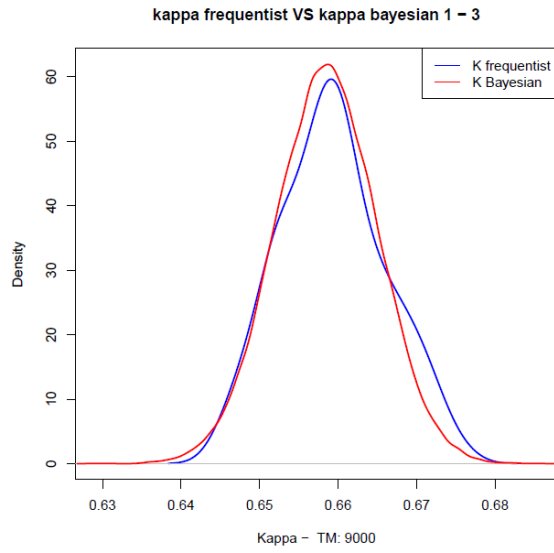
**INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 9000 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet -
EQUIPROBABLE**

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frecuentista report</i>						
<i>Accuracy</i>	0.92	0.762556	0.602889	0.707222	0.600111	0.486
<i>AccuracyLower</i>	0.914203	0.753625	0.592693	0.6977	0.589904	0.475625
<i>AccuracyUpper</i>	0.925524	0.771316	0.613019	0.71661	0.610254	0.496385
<i>AccuracyNull</i>	0.442	0.442	0.442	0.418111	0.418111	0.371556
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>McNemarPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>unweighted KappaLower</i>	0.872068	0.646452	0.4401	0.572727	0.442024	0.299094
<i>Kappa</i>	0.880289	0.658482	0.452877	0.585334	0.454797	0.312019
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.888509	0.670512	0.465654	0.597941	0.467569	0.324945
<i>Bayesian report</i>						
<i>Bayesian KappaLower</i>	0.871678	0.645608	0.438697	0.571873	0.440843	0.298198
<i>Bayesian Kappa</i>	0.880212	0.658503	0.452971	0.58542	0.454846	0.31202
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.888345	0.67137	0.467172	0.598802	0.468916	0.326103
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-0.073437	-0.013255	-0.008431	-0.037763	0.0017	0.013381
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	-0.004337	-0.015111	-0.014302	0.036004	0.003606	0.004757
<i>DIC</i>	48416.70251	55796.29046	59943.76495	59016.36113	62167.33073	65054.88407
<i>Stationarity p-value</i>						
<i>cad1</i>	0.090492	0.37359	0.251124	0.31938	0.452541	0.737788
<i>cad2</i>	0.310179	0.104988	0.102191	0.060073	0.381831	0.819075
<i>Sensitivity – Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
<i>Class: 2</i>	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
<i>Class: 3</i>	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
<i>Class: 4</i>	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
<i>Class: 5</i>	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189
<i>Especificity – Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
<i>Class: 2</i>	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
<i>Class: 3</i>	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
<i>Class: 4</i>	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
<i>Class: 5</i>	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189



INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 9000 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – CON PREVALENCIA

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frequentista report</i>						
<i>Accuracy</i>	0.92	0.762556	0.602889	0.707222	0.600111	0.486
<i>AccuracyLower</i>	0.914203	0.753625	0.592693	0.6977	0.589904	0.475625
<i>AccuracyUpper</i>	0.925524	0.771316	0.613019	0.71661	0.610254	0.496385
<i>AccuracyNull</i>	0.442	0.442	0.442	0.418111	0.418111	0.371556
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>McNemarPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>unweighted KappaLower</i>	0.872068	0.646452	0.4401	0.572727	0.442024	0.299094
<i>Kappa</i>	0.880289	0.658482	0.452877	0.585334	0.454797	0.312019
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.888509	0.670512	0.465654	0.597941	0.467569	0.324945
<i>Bayesian report</i>						
<i>Bayesian KappaLower</i>	0.871634	0.645535	0.438587	0.571861	0.440859	0.298048
<i>Bayesian Kappa</i>	0.880162	0.658392	0.452811	0.585292	0.454762	0.312052
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.888431	0.671072	0.466924	0.598546	0.468766	0.326205
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-0.060462	-0.026426	-0.012836	-0.022418	-0.000718	0.005667
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	0.01967	0.02516	-0.032977	-0.014032	0.032771	-0.017607
<i>DIC</i>	48416.70849	55796.28421	59943.73631	59016.34914	62167.33347	65054.88271
<i>Stationarity p-value</i>						
<i>cad1</i>	0.175513	0.819585	0.05506	0.939789	0.215123	0.253618
<i>cad2</i>	0.988753	0.488616	0.818829	0.269141	0.687811	0.160831
<i>Sensitivity – Frequentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
<i>Class: 2</i>	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
<i>Class: 3</i>	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
<i>Class: 4</i>	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
<i>Class: 5</i>	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189
<i>Especificity – Frequentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
<i>Class: 2</i>	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
<i>Class: 3</i>	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
<i>Class: 4</i>	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
<i>Class: 5</i>	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189



INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 9000 - MODELO: Dirichlet-Multinomial - EQUIPROBABLE

	1 - 2	1 - 3	1 - 4	2 - 3	2 - 4	3 - 4
<i>Frecuentista report</i>						
<i>Accuracy</i>	0.92	0.762556	0.602889	0.707222	0.600111	0.486
<i>AccuracyLower</i>	0.914203	0.753625	0.592693	0.6977	0.589904	0.475625
<i>AccuracyUpper</i>	0.925524	0.771316	0.613019	0.71661	0.610254	0.496385
<i>AccuracyNull</i>	0.442	0.442	0.442	0.418111	0.418111	0.371556
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>McNemarPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>unweighted KappaLower</i>	0.872068	0.646452	0.4401	0.572727	0.442024	0.299094
<i>Kappa</i>	0.880289	0.658482	0.452877	0.585334	0.454797	0.312019
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.888509	0.670512	0.465654	0.597941	0.467569	0.324945
<i>Bayesian report</i>						
<i>Bayesian KappaLower</i>	0.796714	0.401596	-0.010217	0.259105	0.001894	-0.293129
<i>Bayesian Kappa</i>	0.904694	0.717357	0.526809	0.651132	0.524847	0.388034
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.92141	0.762999	0.6018	0.706888	0.59931	0.484051
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-8.082906	-4.949828	-8.069531	-6.056792	-5.914297	-5.432278
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	221.869057	55.902612	156.699849	87.420206	78.315297	69.313626
<i>DIC</i>	5018.85014	9867.0877	12093.81597	10884.16271	12114.39934	12470.59603
<i>Stationarity p-value</i>						
<i>cad1</i>	0.912567	0.639335	0.391011	0.070634	0.706001	0.814888
<i>cad2</i>	0.397319	0.383738	0.231689	0.696917	0.98961	0.971195
<i>Sensitivity - Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
<i>Class: 2</i>	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
<i>Class: 3</i>	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
<i>Class: 4</i>	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
<i>Class: 5</i>	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189
<i>Especificity - Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
<i>Class: 2</i>	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
<i>Class: 3</i>	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
<i>Class: 4</i>	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
<i>Class: 5</i>	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 9000 - MODELO: Dirichlet-Multinomial – CON PREVALENCIA

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frecuentista report</i>						
Accuracy	0.92	0.762556	0.602889	0.707222	0.600111	0.488
AccuracyLower	0.914203	0.753625	0.592893	0.6977	0.589904	0.475625
AccuracyUpper	0.925524	0.771316	0.613019	0.71661	0.610254	0.496385
AccuracyNull	0.442	0.442	0.442	0.418111	0.418111	0.371556
AccuracyPValue	0	0	0	0	0	0
McnemarPValue	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.872068	0.646452	0.4401	0.572727	0.442024	0.299094
Kappa	0.880289	0.658482	0.452877	0.585334	0.454797	0.312019
unweighted KappaUpper	0.888509	0.670512	0.465654	0.597941	0.467569	0.324945
<i>Bayesian report</i>						
Bayesian KappaLower	-2.987242	-10.290325	-19.833263	-12.340612	-18.211174	-25.384741
Bayesian Kappa	0.910768	0.737556	0.560663	0.676934	0.557557	0.432296
Bayesian KappaUpper	0.923964	0.768612	0.609612	0.713727	0.606808	0.492806
Skewness BayesianKappa	-197.09677	-111.655388	-125.398158	-126.688425	-100.918079	-199.956513
Kurtosis BayesianKappa	39181.428144	13969.541414	18421.84574	17338.298642	10881.382611	39985.357436
DIC	5018.83228	9867.0986	12093.80682	10884.1632	12114.38714	12470.58926
<i>Stationarity p-value</i>						
cad1	0.066528	0.985558	0.374284	0.605581	0.710258	0.923714
cad2	0.123555	0.449997	0.168178	0.612642	0.945413	0.716976
<i>Sensitivity – Frecuentista</i>						
Class: 1	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
Class: 2	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
Class: 3	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
Class: 4	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
Class: 5	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189
<i>Especificity – Frecuentista</i>						
Class: 1	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
Class: 2	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
Class: 3	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
Class: 4	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
Class: 5	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 9000 - MODELO: Beta-Beta - EQUIPROBABLE

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frecuentista report</i>						
<i>Accuracy</i>	0.92	0.762556	0.602889	0.707222	0.600111	0.486
<i>AccuracyLower</i>	0.914203	0.753625	0.592693	0.6977	0.589904	0.475625
<i>AccuracyUpper</i>	0.925524	0.771316	0.613019	0.71661	0.610254	0.496385
<i>AccuracyNull</i>	0.442	0.442	0.442	0.418111	0.418111	0.371556
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>McNemarPValue</i>	0	0	0	0	0	0
<i>unweighted KappaLower</i>	0.872068	0.646452	0.4401	0.572727	0.442024	0.299094
<i>Kappa</i>	0.880289	0.658482	0.452877	0.585334	0.454797	0.312019
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.888509	0.670512	0.465654	0.597941	0.467569	0.324945
<i>Bayesian report</i>						
<i>Bayesian KappaLower</i>	0.914218	0.753698	0.592756	0.697845	0.589915	0.475802
<i>Bayesian Kappa</i>	0.919923	0.762532	0.602856	0.707255	0.600088	0.486045
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.925392	0.771292	0.612896	0.716611	0.61019	0.496195
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-0.061568	-0.016996	-0.004892	-0.022613	0.00531	-0.015121
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	-0.011714	0.009168	0.01022	0.026179	0.002314	0.01723
<i>DIC</i>	5018.84969	9867.10325	12093.82352	10884.1634	12114.4038	12470.59336
<i>Stationarity p-value</i>						
<i>cad1</i>	0.33485	0.837693	0.83633	0.090449	0.992484	0.541834
<i>cad2</i>	0.109199	0.656537	0.28527	0.387969	0.797498	0.65522
<i>Sensitivity – Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
<i>Class: 2</i>	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
<i>Class: 3</i>	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
<i>Class: 4</i>	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
<i>Class: 5</i>	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189
<i>Especificity – Frecuentista</i>						
<i>Class: 1</i>	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
<i>Class: 2</i>	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
<i>Class: 3</i>	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
<i>Class: 4</i>	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
<i>Class: 5</i>	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 9000 - MODELO: Beta-Beta – CON PREVALENCIA

	1 – 2	1 – 3	1 – 4	2 – 3	2 – 4	3 – 4
<i>Frequentista report</i>						
Accuracy	0.92	0.762556	0.602889	0.707222	0.600111	0.486
AccuracyLower	0.914203	0.753625	0.592693	0.6977	0.589904	0.475625
AccuracyUpper	0.925524	0.771316	0.613019	0.71661	0.610254	0.496385
AccuracyNull	0.442	0.442	0.442	0.418111	0.418111	0.371556
AccuracyPValue	0	0	0	0	0	0
McNemarPValue	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.872068	0.646452	0.4401	0.572727	0.442024	0.299094
Kappa	0.880289	0.658482	0.452877	0.585334	0.454797	0.312019
unweighted KappaUpper	0.888509	0.670512	0.465654	0.597941	0.467569	0.324945
<i>Bayesian report</i>						
Bayesian KappaLower	0.914143	0.753602	0.592689	0.697744	0.589872	0.475703
Bayesian Kappa	0.919956	0.76249	0.602852	0.707209	0.600121	0.486021
Bayesian KappaUpper	0.925485	0.771357	0.612909	0.716572	0.610152	0.496387
Skewness BayesianKappa	-0.075484	-0.018963	-0.027127	-0.025382	-0.020684	0.018694
Kurtosis BayesianKappa	-0.022144	0.069051	-0.034612	-0.015523	0.057375	-0.007327
DIC	5018.84604	9867.09186	12093.80121	10884.17047	12114.3875	12470.58489
<i>Stationarity p-value</i>						
cad1	0.697216	0.730865	0.578064	0.913357	0.386781	0.941989
cad2	0.94724	0.210155	0.057879	0.623273	0.253792	0.667379
<i>Sensitivity – Frequentista</i>						
Class: 1	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
Class: 2	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
Class: 3	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
Class: 4	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
Class: 5	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189
<i>Especificity – Frequentista</i>						
Class: 1	0.91658	0.76172	0.58179	0.70425	0.57734	0.46656
Class: 2	0.91706	0.76058	0.61383	0.7353	0.63006	0.54181
Class: 3	0.92408	0.76144	0.60206	0.74542	0.62344	0.55831
Class: 4	0.90863	0.83249	0.64467	0.44382	0.44101	0.22523
Class: 5	1	0.61538	0.69231	0.09804	0.23529	0.13189

Apéndice C

A continuación, se presenta los informes finales de la aplicación de la librería K_Freq_Bay a la base de datos de leucemias con cada modelo planteado. Las gráficas obtenidas de las distintas pruebas para todas las parejas posibles se encuentran publicadas en la dirección <https://github.com/RicardoBorja>.

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 4365 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet –PREVALENCIA HOSPITAL

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentista report																					
Accuracy	0.868499	0.830011	0.834622	0.796105	0.676518	0.507446	0.878351	0.885223	0.819702	0.715464	0.530584	0.850401	0.872623	0.632761	0.542726	0.827262	0.691867	0.531271	0.613517	0.532646	0.502635
AccuracyLower	0.858113	0.819534	0.823469	0.783842	0.663411	0.492499	0.868285	0.875394	0.80797	0.701823	0.515548	0.839471	0.862368	0.618261	0.527809	0.815716	0.67793	0.516336	0.598884	0.517713	0.48769
AccuracyUpper	0.87839	0.841046	0.845726	0.807971	0.690388	0.522382	0.887907	0.894534	0.831005	0.728816	0.545479	0.86086	0.882376	0.647083	0.557587	0.838369	0.705547	0.546165	0.627997	0.547536	0.517576
AccuracyNull	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.000146	1	0	0	0	2.4e-05	1	0	0	0	0.999977	0	0	1	0	0.925478	1
McNemarPValue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.725138	0.685118	0.67141	0.635294	0.258026	0.225292	0.765335	0.75968	0.66815	0.300327	0.247669	0.720916	0.77672	0.248148	0.279743	0.687953	0.289255	0.250008	0.241885	0.268637	0.142537
Kappa	0.744439	0.704415	0.691737	0.655139	0.282064	0.245268	0.782561	0.777831	0.687469	0.325912	0.267678	0.739303	0.792816	0.270503	0.301042	0.706628	0.313996	0.270674	0.263522	0.290059	0.1612
unweighted KappaUpper	0.76386	0.723711	0.712065	0.674984	0.306101	0.265244	0.799788	0.795982	0.706787	0.351498	0.287687	0.757689	0.808912	0.292857	0.322342	0.725703	0.338737	0.29134	0.28516	0.311481	0.179864
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.723904	0.683723	0.669797	0.633484	0.244822	0.219829	0.764168	0.758218	0.666163	0.287599	0.24185	0.719783	0.775931	0.236409	0.276876	0.686858	0.277365	0.245521	0.230822	0.266379	0.131493
Bayesian Kappa	0.744387	0.704254	0.69147	0.65497	0.282172	0.245274	0.782356	0.777639	0.687247	0.325792	0.267722	0.739187	0.792654	0.270366	0.301073	0.706691	0.313888	0.270644	0.263501	0.290061	0.161171
Bayesian KappaUpper	0.764418	0.723967	0.712432	0.675308	0.31824	0.270171	0.79971	0.795976	0.707277	0.362509	0.292753	0.757646	0.808574	0.303238	0.324733	0.726193	0.3488	0.295323	0.295228	0.313668	0.190361
Skewness Bayesian/Kappa	-0.061573	-0.073468	-0.067596	-0.056734	-0.069526	-0.030587	-0.066681	-0.087605	-0.080839	-0.056953	-0.04959	-0.082453	-0.071334	-0.058236	-0.004596	-0.028723	-0.07484	-0.029019	-0.027496	-0.010089	-0.014808
Kurtosis Bayesian/Kappa	0.009416	-0.03377	0.03188	0.007572	0.018853	0.03112	0.014053	0.007177	0.016998	-0.003175	-0.023543	0.015773	-0.038249	0.031443	-0.008248	0.006239	0.034023	-0.014059	-0.002301	-0.014705	-0.010823
DIC	20661.2371	22684.30164	21743.37711	23433.17873	19989.11253	25065.13629	21407.00141	20412.77626	22607.72051	19177.88518	24520.32712	22426.98857	23259.1807	21145.47046	25946.07682	23073.78487	19923.78781	25087.25574	21543.3448	26272.69439	21767.1780
Stationarity p-value																					
cad1	0.978751	0.218428	0.471177	0.805683	0.543066	0.208736	0.858162	0.66251	0.069975	0.574157	0.908859	0.291998	0.051215	0.975329	0.766776	0.629123	0.652506	0.609127	0.040872	0.171004	0.418063
cad2	0.14529	0.771382	0.650039	0.705714	0.261678	0.618815	0.860724	0.545641	0.229177	0.907375	0.959843	0.36654	0.200559	0.26363	0.602408	0.399013	0.627634	0.791431	0.166684	0.987919	0.94627
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05933	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034
Specificity - Frequentista																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05933	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 4365 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet –PREVALENCIA ESPAÑA

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
<i>Frecuentista report</i>																					
Accuracy	0.868499	0.830011	0.834822	0.796105	0.676518	0.507446	0.878351	0.885223	0.819702	0.715464	0.530584	0.850401	0.872623	0.632761	0.542726	0.827262	0.691867	0.531271	0.613517	0.532546	0.502635
AccuracyLower	0.858113	0.818534	0.823469	0.783842	0.662411	0.492499	0.868285	0.875394	0.80797	0.701823	0.515648	0.839471	0.862368	0.618261	0.527809	0.815716	0.677793	0.516336	0.598884	0.517713	0.48769
AccuracyUpper	0.87839	0.841046	0.845726	0.807971	0.690388	0.522382	0.887907	0.894534	0.831005	0.728816	0.545479	0.86086	0.882376	0.647083	0.557587	0.838369	0.705547	0.546165	0.627997	0.547536	0.517576
AccuracyNull	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.573196	0.573196	0.573196	0.573196	0.647881	0.647881	0.647881	0.543414	0.543414	0.813746
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.000146	1	0	0	0	2.4e-05	1	0	0	0	0.999977	0	0	1	0	0.925478	1
McnemarPValue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.725138	0.685118	0.67141	0.635294	0.258026	0.225292	0.765335	0.75968	0.66815	0.300327	0.247669	0.720916	0.77672	0.248148	0.279743	0.687953	0.289255	0.260008	0.241885	0.268637	0.142537
Kappa	0.744499	0.704415	0.691737	0.655139	0.282064	0.245268	0.782561	0.777831	0.687469	0.325912	0.267678	0.739303	0.792816	0.270503	0.301042	0.706828	0.313996	0.270674	0.263522	0.290059	0.1612
unweighted KappaUpper	0.76386	0.723711	0.712065	0.674984	0.306101	0.265244	0.799788	0.796982	0.706787	0.351498	0.287687	0.757689	0.808912	0.292857	0.322342	0.725703	0.338737	0.29134	0.28516	0.311481	0.179664
<i>Bayesian report</i>																					
Bayesian KappaLower	0.723681	0.683844	0.669449	0.633629	0.244401	0.219953	0.763935	0.758138	0.666342	0.287718	0.242056	0.719962	0.775978	0.236983	0.276652	0.686486	0.277505	0.245442	0.230531	0.265811	0.13172
Bayesian Kappa	0.744223	0.704202	0.691571	0.654991	0.281967	0.245389	0.782339	0.777619	0.687294	0.325537	0.267737	0.73911	0.792706	0.270312	0.301102	0.706642	0.313957	0.270626	0.263409	0.290057	0.161296
Bayesian KappaUpper	0.763885	0.723824	0.712312	0.675405	0.317922	0.270115	0.799677	0.796096	0.707494	0.362162	0.292866	0.757666	0.808578	0.302942	0.324826	0.72607	0.348996	0.295432	0.294872	0.313566	0.190121
Skewness BayesianKappa	-0.088126	-0.049251	-0.087026	-0.059461	-0.062109	-0.029252	-0.080878	-0.088487	-0.045849	-0.048508	-0.02499	-0.052238	-0.080149	-0.032691	-0.035747	-0.065958	-0.064922	-0.024339	-0.06419	-0.033021	-0.034056
Kurtosis BayesianKappa	0.005804	-0.029273	0.024671	-0.008017	0.040007	-0.012056	-0.004548	0.045689	-0.042712	0.013752	-0.029279	-0.043808	-0.047591	-0.009133	-0.002515	-0.006065	0.018658	0.015	-0.005658	-0.009373	-0.041767
DIC	20661.22361	22684.31024	21743.36283	23433.20196	19989.11541	25065.11052	21407.01743	20412.78813	22607.74801	19177.89922	24520.34085	22426.97529	23259.16574	21145.47555	25946.07339	23073.76336	19923.782	25087.27577	21543.34996	26272.70785	21767.1589
<i>Stationarity p-value</i>																					
cad1	0.97754	0.222933	0.11395	0.615338	0.960804	0.37087	0.731121	0.692723	0.836509	0.909848	0.401971	0.194667	0.998803	0.48199	0.500972	0.364225	0.895605	0.931125	0.319914	0.370172	0.901868
cad2	0.770418	0.54723	0.769341	0.437565	0.623217	0.990385	0.767563	0.396252	0.605213	0.873841	0.185051	0.936619	0.741839	0.702627	0.746667	0.553215	0.344672	0.178737	0.969743	0.364299	0.702678
<i>Sensitivity - Frecuentista</i>																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034
<i>Specificity - Frecuentista</i>																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 4365 - MODELO: Dirichlet-Multinomial –EQUIPROBABLE

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
<i>Frecuentista report</i>																					
Accuracy	0.868499	0.830011	0.834822	0.796105	0.676518	0.507446	0.878351	0.885223	0.819702	0.715464	0.530584	0.850401	0.872623	0.632761	0.542726	0.827262	0.691867	0.531271	0.613517	0.532646	0.502635
AccuracyLower	0.858113	0.818534	0.823469	0.783842	0.662411	0.482499	0.868285	0.875394	0.80797	0.701823	0.515648	0.839471	0.862368	0.618261	0.527809	0.815716	0.677793	0.516336	0.598884	0.517713	0.48769
AccuracyUpper	0.87839	0.841046	0.845726	0.807971	0.690388	0.522382	0.887907	0.894534	0.831005	0.728816	0.545479	0.86086	0.882376	0.647083	0.557587	0.838369	0.705547	0.546165	0.627997	0.547536	0.517576
AccuracyNull	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.573196	0.573196	0.573196	0.573196	0.647881	0.647881	0.647881	0.543414	0.543414	0.513746
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.000146	1	0	0	0	2.4e-05	1	0	0	0	0.999977	0	0	1	0	0.925478	1
MknenarPValue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.725138	0.685118	0.67141	0.635294	0.258026	0.225292	0.765335	0.75958	0.66815	0.300327	0.247669	0.720916	0.77672	0.248148	0.279743	0.687953	0.289255	0.250008	0.241885	0.268637	0.142537
Kappa	0.744499	0.704415	0.691737	0.655139	0.282064	0.245268	0.782561	0.777831	0.687469	0.325912	0.267678	0.739303	0.792816	0.270503	0.301042	0.706828	0.313996	0.270674	0.263522	0.290059	0.1612
unweighted KappaUpper	0.76386	0.723711	0.712065	0.674984	0.306101	0.265244	0.799788	0.799982	0.706787	0.351498	0.287687	0.757689	0.808912	0.292857	0.322342	0.725703	0.338737	0.29134	0.28516	0.311481	0.179864
<i>Bayesian report</i>																					
Bayesian KappaLower	0.545174	0.417033	0.434263	0.303385	-0.096158	-0.69942	0.585928	0.59688	0.384226	0.031267	-0.613196	0.492351	0.561123	-0.244506	-0.578369	0.408925	-0.053477	-0.605455	-0.308452	-0.579848	-0.691744
Bayesian Kappa	0.833915	0.785257	0.791791	0.742469	0.591587	0.378937	0.846084	0.854953	0.772217	0.641142	0.405536	0.810963	0.839134	0.537615	0.423475	0.781164	0.612246	0.409484	0.513278	0.411179	0.373965
Bayesian KappaUpper	0.870681	0.831544	0.836598	0.797712	0.676903	0.505351	0.880375	0.887397	0.821052	0.715897	0.528484	0.8523	0.874573	0.632116	0.540992	0.829005	0.692128	0.529213	0.61258	0.531001	0.499829
Skewness BayesianKappa	-6.289172	-10.539776	-49.048835	-8.97156	-13.082709	-15.971803	-9.034296	-29.907134	-6.062204	-7.505814	-15.21475	-12.903283	-18.655241	-7.917748	-15.754756	-14.110752	-17.510949	-16.137588	-6.289377	-23.997628	-6.871333
Kurtosis BayesianKappa	75.474575	332.284549	5249.180546	171.180436	423.883366	724.371324	164.704345	2605.69099	68.473198	126.704885	723.662659	508.589697	913.923027	139.61526	793.07477	658.948608	769.338693	882.855173	78.400802	1635.317234	99.904419
DIC	3398.97415	3980.72563	3913.40285	4416.23536	5496.245	6051.21101	3232.82869	3112.25213	4120.2096	5214.44314	6035.82967	3685.17549	3330.36937	5740.71665	6020.25824	4018.53977	5392.63037	6035.08058	5825.20523	6033.5504	6052.05041
<i>Stationarity p-value</i>																					
cad1	0.309867	0.901652	0.873606	0.821245	0.175142	0.792702	0.016009	0.168352	0.59166	0.390282	0.890466	0.929146	0.261606	0.958201	0.29005	0.789687	0.7574	0.220675	0.869108	0.567635	0.201509
cad2	0.529005	0.060739	0.06033	0.381506	0.936328	0.700922	0.104291	0.350371	0.797521	0.609649	0.37319	0.935656	0.423634	0.494306	0.18215	0.923623	0.216794	0.744465	0.087599	0.734793	0.075828
<i>Sensitivity - Frecuentista</i>																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034
<i>Specificity - Frecuentista</i>																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 4365 - MODELO: Dirichlet-Multinomial – PREVALENCIA HOSPITAL

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentista report																					
Accuracy	0.868499	0.830011	0.834822	0.796105	0.676518	0.507446	0.878351	0.885223	0.819702	0.715464	0.530584	0.850401	0.872623	0.632761	0.542726	0.827262	0.691867	0.531271	0.613517	0.532546	0.502631
AccuracyLower	0.858113	0.818534	0.823469	0.783842	0.662411	0.492499	0.868285	0.875394	0.80797	0.701823	0.515648	0.839471	0.862368	0.618261	0.527809	0.815716	0.67793	0.516336	0.598884	0.517713	0.48768
AccuracyUpper	0.87839	0.841046	0.845726	0.807971	0.690388	0.522382	0.887907	0.894534	0.831005	0.728816	0.545479	0.86086	0.882376	0.647083	0.557587	0.838369	0.705547	0.546165	0.627997	0.547536	0.517571
AccuracyNull	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.573196	0.573196	0.573196	0.573196	0.647881	0.647881	0.647881	0.543414	0.543414	0.81374
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.000146	1	0	0	0	2.4e-05	1	0	0	0	0.999977	0	0	1	0	0.925478	1
McNemarPValue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Weighted KappaLower	0.725138	0.685118	0.67141	0.635294	0.258026	0.225292	0.765335	0.75968	0.66815	0.300327	0.247669	0.720916	0.77672	0.248148	0.279743	0.687953	0.289255	0.250008	0.241885	0.268637	0.14253
Weighted Kappa	0.744499	0.704415	0.691737	0.655139	0.282064	0.245268	0.782561	0.777831	0.687469	0.325912	0.267678	0.739303	0.792816	0.270503	0.301042	0.705828	0.313996	0.270674	0.263522	0.290059	0.1612
Weighted KappaUpper	0.76386	0.723711	0.712055	0.674984	0.306101	0.265244	0.799788	0.795982	0.706787	0.351498	0.287687	0.757689	0.808912	0.292857	0.322342	0.725703	0.338737	0.29134	0.28516	0.311481	0.17986
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	-55.261694	-73.328582	-68.081487	-82.323163	-150.223604	-214.551243	-49.695473	-56.529594	-75.129984	-127.649459	-201.793834	-66.650206	-64.617178	-158.208656	-202.81672	-82.168786	-135.922159	-209.645309	-166.085336	-207.492301	-217.1155
Bayesian Kappa	0.826409	0.778098	0.781224	0.731588	0.575611	0.346641	0.836999	0.848152	0.762241	0.621471	0.373168	0.801773	0.8291	0.516271	0.394074	0.769104	0.591128	0.387862	0.488056	0.380368	0.34849
Bayesian KappaUpper	0.874746	0.837134	0.841836	0.803721	0.684918	0.5164	0.884552	0.891256	0.826707	0.72369	0.539584	0.857164	0.87891	0.641636	0.551566	0.83426	0.700058	0.540386	0.622546	0.541737	0.51183
Bayesian Kappa	-109.289019	-157.797537	-197.057729	-142.64401	-159.832649	-160.729813	-141.32393	-120.315618	-118.711303	-93.229372	-199.544261	-199.904633	-199.979604	-199.693411	-111.354677	-188.545076	-199.619728	-199.413528	-186.976626	-195.941987	-97.6518
Bayesian Kappa	13111.721195	27436.069839	39168.356284	22399.511715	26782.553745	28286.551194	20101.48547	17219.287028	15678.710467	9940.049797	39873.474471	39971.380819	39991.558136	39913.990169	13136.372765	36598.820791	39894.088746	39838.068832	36215.125243	38860.928788	10368.464
DIC	3398.97395	3980.72476	3913.40008	4416.24027	5496.25149	6051.21059	3232.83586	3112.25856	4120.20904	5214.42789	6035.83295	3685.16943	3330.35621	5740.70911	6020.25412	4018.54758	5392.63033	6035.08496	5825.20883	6033.55066	6052.039
Stationarity p-value																					
cad1	0.050129	0.412851	0.414144	0.774941	0.704546	0.78057	0.327494	0.151057	0.840097	0.320875	0.24384	1.5e-05	0.369317	0.408554	0.518459	0.37102	0.226683	0.207883	0.924827	0.329811	0.74795
cad2	0.671456	0.572523	0.179239	0.53432	0.371456	0.815678	0.062603	0.846844	0.490827	0.138759	0.703021	0.272923	0.076493	0.483704	0.07758	0.81577	0.90996	0.393325	0.648463	0.078497	0.06113
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7057	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58778
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034
Sensitivity - Bayesian																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7057	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58778
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 4365 - MODELO: Beta-Beta – EQUIPROBABLE

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frecuentista report																					
Accuracy	0.868499	0.830011	0.834822	0.796105	0.676518	0.507446	0.878351	0.885223	0.819702	0.715464	0.530584	0.850401	0.872623	0.632761	0.542726	0.827262	0.691867	0.531271	0.613517	0.532646	0.502635
AccuracyLower	0.858113	0.818534	0.823469	0.783842	0.662411	0.492499	0.868285	0.875394	0.80797	0.701823	0.515648	0.839471	0.862368	0.618261	0.527809	0.815716	0.67793	0.516336	0.598884	0.517713	0.48769
AccuracyUpper	0.87839	0.841046	0.845726	0.807971	0.690388	0.522382	0.887907	0.894534	0.831005	0.728816	0.545479	0.86086	0.882376	0.647083	0.557587	0.838369	0.705547	0.546165	0.627997	0.547536	0.517576
AccuracyNull	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.573196	0.573196	0.573196	0.573196	0.647881	0.647881	0.647881	0.543414	0.543414	0.813746
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.000146	1	0	0	0	2.4e-05	1	0	0	0	0.999977	0	0	1	0	0.925478	1
McnemarPValue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.725138	0.685118	0.67141	0.635294	0.258026	0.225292	0.765335	0.75968	0.66815	0.300327	0.247669	0.720916	0.77672	0.248148	0.279743	0.687953	0.289255	0.250008	0.241885	0.268637	0.142537
Kappa	0.744499	0.704415	0.691737	0.655139	0.282064	0.245258	0.782561	0.777831	0.687469	0.325912	0.267678	0.739303	0.792816	0.270503	0.301042	0.706828	0.313996	0.270674	0.263522	0.290059	0.1612
unweighted KappaUpper	0.76386	0.723711	0.712065	0.674984	0.306101	0.265244	0.799788	0.795982	0.706787	0.351498	0.287687	0.757689	0.808912	0.292857	0.322342	0.725703	0.338737	0.29134	0.28516	0.311481	0.178864
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.858168	0.818679	0.823395	0.783829	0.662468	0.492539	0.868309	0.875439	0.808084	0.701817	0.515736	0.839445	0.862487	0.618468	0.527817	0.815749	0.677843	0.516477	0.599031	0.517941	0.487684
Bayesian Kappa	0.868346	0.829975	0.834659	0.796045	0.676446	0.507441	0.878244	0.885096	0.819559	0.715342	0.530548	0.850333	0.872517	0.632688	0.542664	0.827119	0.691764	0.531248	0.613484	0.53262	0.502589
Bayesian KappaUpper	0.87824	0.840851	0.84556	0.807794	0.690242	0.522302	0.88779	0.894357	0.830898	0.728612	0.545329	0.860708	0.882271	0.646948	0.557483	0.838178	0.705304	0.545993	0.62792	0.547426	0.517369
Skewness BayesianKappa	-0.04928	-0.050929	-0.054604	-0.060896	-0.016064	-0.002977	-0.058379	-0.067509	-0.03158	-0.027023	-0.007623	-0.059204	-0.064054	-0.014712	0.00131	-0.050882	-0.024022	-0.001585	-0.004042	0.007554	-0.01366
Kurtosis BayesianKappa	0.004343	0.014397	0.024343	-0.006487	-0.020734	-0.000083	0.031211	0.014402	-0.0061	-0.010238	-0.006011	0.016841	-0.015423	-0.052101	-0.006251	0.005622	0.029276	-0.022024	-0.040121	0.001593	-0.025171
DIC	3398.96406	3980.73588	3913.40562	4416.2418	5496.24638	6051.18766	3232.82726	3112.2629	4120.20386	5214.43999	6035.82884	3685.17965	3330.36169	5740.71535	6020.26861	4018.54617	5392.62756	6035.09261	5825.20078	6033.55979	6052.05211
Stationarity p-value																					
cad1	0.510936	0.984582	0.123563	0.388633	0.740684	0.666673	0.378979	0.485805	0.802623	0.443846	0.635372	0.7168	0.630009	0.565456	0.900386	0.161293	0.466776	0.835696	0.067125	0.724565	0.33229
cad2	0.795244	0.331052	0.572986	0.687341	0.532343	0.379769	0.298528	0.137548	0.08708	0.725661	0.264026	0.839525	0.841026	0.607704	0.99075	0.206278	0.599638	0.867016	0.002452	0.110731	0.29608
Sensitivity - Frecuentista																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034
Especificity - Frecuentista																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 4365 - MODELO: Beta-Beta – PREVALENCIA HOSPITAL

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
<i>Frequentist report</i>																					
Accuracy	0.868499	0.830011	0.834822	0.796105	0.676518	0.507446	0.878351	0.885223	0.819702	0.715464	0.530584	0.850401	0.872623	0.632761	0.542726	0.827262	0.691867	0.531271	0.613517	0.532646	0.502635
AccuracyLower	0.858113	0.818534	0.823469	0.783842	0.662411	0.492499	0.868285	0.875394	0.80797	0.701823	0.515648	0.839471	0.862368	0.618261	0.527809	0.815716	0.67793	0.516336	0.598884	0.517713	0.48769
AccuracyUpper	0.87839	0.841046	0.845726	0.807971	0.690388	0.522382	0.887907	0.894534	0.831005	0.728816	0.545479	0.86086	0.882376	0.647083	0.557587	0.838369	0.705547	0.546165	0.627997	0.547536	0.517576
AccuracyNull	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.573196	0.573196	0.573196	0.573196	0.647881	0.647881	0.647881	0.543414	0.543414	0.813746
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.000146	1	0	0	0	2.4e-05	1	0	0	0	0.999977	0	0	1	0	0.925478	1
McNemarPValue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.725138	0.685118	0.67141	0.635294	0.358026	0.225292	0.765335	0.75968	0.66815	0.300327	0.247669	0.720916	0.77672	0.248148	0.279743	0.687953	0.289255	0.250008	0.241885	0.268637	0.142537
Kappa	0.744499	0.704415	0.691737	0.655139	0.282064	0.245268	0.782561	0.777831	0.687469	0.325912	0.267678	0.739303	0.792816	0.270503	0.301042	0.706828	0.313996	0.270674	0.263522	0.290059	0.1612
unweighted KappaUpper	0.76386	0.723711	0.712065	0.674984	0.305101	0.265244	0.799788	0.795982	0.706787	0.351498	0.287687	0.757689	0.808912	0.292857	0.322342	0.725703	0.338737	0.29134	0.28516	0.311481	0.179864
<i>Bayesian report</i>																					
Bayesian KappaLower	0.858108	0.818555	0.823573	0.783699	0.662467	0.492596	0.86827	0.875441	0.80791	0.701813	0.515632	0.839607	0.862368	0.61837	0.52801	0.815809	0.677857	0.51648	0.598955	0.517753	0.487707
Bayesian Kappa	0.868392	0.829931	0.834684	0.796996	0.676488	0.507452	0.878266	0.885139	0.8196	0.715331	0.530566	0.850294	0.872529	0.632685	0.542723	0.82717	0.691842	0.531297	0.613503	0.532608	0.502591
Bayesian KappaUpper	0.878286	0.84089	0.845647	0.807962	0.690131	0.522297	0.887824	0.89439	0.830905	0.728834	0.545399	0.86071	0.882123	0.64686	0.557522	0.838227	0.705372	0.546064	0.627877	0.547548	0.517567
Slewness BayesianKappa	-0.064516	-0.05761	-0.035724	-0.041167	-0.026991	-0.00874	-0.082826	-0.0774	-0.040885	0.007139	-0.013581	-0.046722	-0.083669	-0.006862	-0.001193	-0.038308	-0.039428	0.000515	-0.00745	0.01539	0.009789
Kurtosis BayesianKappa	0.013365	0.029952	0.008395	-0.004678	0.010756	0.017084	0.011436	0.009126	-0.047318	-0.013474	-0.012262	-0.003877	0.000171	-0.016178	0.013622	-0.005494	-0.00946	-0.027198	-0.015691	-0.010526	0.04937
DIC	3398.96035	3980.72927	3913.41409	4416.24093	5496.22814	6051.21564	3232.82683	3112.26602	4120.20802	5214.44405	6035.82576	3685.17679	3330.35724	5740.71064	6020.26924	4018.55949	5392.61371	6035.08886	5825.19847	6033.54805	6052.05993
<i>Stationarity p-value</i>																					
cad1	0.973902	0.306634	0.185768	0.552278	0.746695	0.393454	0.295171	0.866804	0.821172	0.916921	0.332718	0.101139	0.086435	0.279218	0.394321	0.836392	0.820567	0.186548	0.2362	0.098352	0.88312
cad2	0.803636	0.726203	0.051188	0.116256	0.667472	0.980368	0.921891	0.811245	0.493016	0.256913	0.398147	0.808903	0.631249	0.250535	0.376035	0.451303	0.172156	0.793484	0.17865	0.157987	0.317455
<i>Sensitivity - Frequentist</i>																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034
<i>Specificity - Frequentist</i>																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.25978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 4365 - MODELO: Beta-Beta – PREVALENCIA ESPAÑA

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-6	2-8	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
<i>Frequentista report</i>																					
Accuracy	0.868499	0.830011	0.834822	0.796105	0.676518	0.507446	0.878351	0.885223	0.819702	0.715464	0.530584	0.850401	0.872623	0.632761	0.542726	0.827262	0.691867	0.531271	0.613517	0.532646	0.502635
AccuracyLower	0.858113	0.818534	0.823469	0.783842	0.662411	0.492499	0.868285	0.875394	0.80797	0.701823	0.515648	0.839471	0.862368	0.618261	0.527809	0.815716	0.67793	0.516336	0.598884	0.517713	0.48769
AccuracyUpper	0.87839	0.841046	0.845726	0.807971	0.690388	0.522382	0.887907	0.894534	0.831005	0.728816	0.545479	0.86086	0.882376	0.647083	0.557587	0.838369	0.705547	0.546165	0.627997	0.547536	0.517576
AccuracyNull	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.650401	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.687056	0.573196	0.573196	0.573196	0.573196	0.647881	0.647881	0.647881	0.543414	0.543414	0.813746
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.000146	1	0	0	0	2.4e-05	1	0	0	0	0.999977	0	0	1	0	0.925478	1
McnemarPValue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.725138	0.685118	0.67141	0.635294	0.258026	0.225292	0.765335	0.75968	0.66815	0.300327	0.247669	0.720916	0.77672	0.348148	0.279743	0.687953	0.289255	0.250008	0.241885	0.268637	0.142537
Kappa	0.744499	0.704415	0.691737	0.655139	0.282064	0.245268	0.782961	0.777831	0.687469	0.325912	0.267678	0.739303	0.792816	0.270503	0.301042	0.706828	0.313996	0.270674	0.263522	0.290059	0.1612
unweighted KappaUpper	0.76386	0.723711	0.712065	0.674984	0.306101	0.265244	0.799788	0.795982	0.706787	0.351498	0.287687	0.757689	0.808912	0.292857	0.322342	0.725703	0.338737	0.29134	0.28516	0.311481	0.179864
<i>Bayesian report</i>																					
Bayesian KappaLower	0.858328	0.818576	0.82356	0.783925	0.662407	0.492622	0.868373	0.875552	0.808135	0.701866	0.515704	0.839465	0.862304	0.618291	0.527998	0.815834	0.677814	0.516357	0.598963	0.517589	0.48765
Bayesian Kappa	0.868351	0.829911	0.834724	0.796013	0.676397	0.507445	0.878205	0.885106	0.819648	0.715425	0.530568	0.850276	0.872479	0.632767	0.542773	0.827167	0.691823	0.531354	0.613492	0.532668	0.5026
Bayesian KappaUpper	0.878244	0.840807	0.845591	0.807741	0.690266	0.522409	0.88784	0.894342	0.830889	0.728605	0.545367	0.860652	0.882141	0.646837	0.557498	0.838296	0.705423	0.54603	0.627882	0.547403	0.517509
Skewness BayesianKappa	-0.044588	-0.055724	-0.042663	-0.046352	-0.026702	0.020822	-0.043902	-0.052374	-0.045024	-0.03824	2.1e-05	-0.060787	-0.069111	-0.039531	-0.009406	-0.04574	-0.056053	-0.015619	-0.03123	-0.028678	0.002869
Kurtosis BayesianKappa	-0.017556	-0.02011	-0.001462	-0.030143	0.016272	0.062006	0.013587	-0.001664	-0.022968	0.025601	0.047321	-0.012702	-0.062863	-0.000588	-0.025017	0.003385	-0.021545	-0.040001	-0.007409	-0.002538	-0.020556
DiC	3398.98541	3980.71845	3913.40914	4416.24554	5496.2503	6051.21103	3232.83693	3112.25258	4120.21044	5214.43628	6035.83511	3685.17461	3330.3463	5740.71695	6020.26178	4018.55029	5392.62462	6035.10555	5825.21564	6033.56302	6052.0471
<i>Stationarity p-value</i>																					
cad1	0.119872	0.688285	0.555176	0.308022	0.243069	0.876196	0.856754	0.895993	0.632053	0.909653	0.09165	0.489019	0.617618	0.532668	0.665051	0.20023	0.265391	0.513316	0.894016	0.238391	0.946511
cad2	0.419426	0.75715	0.900149	0.350698	0.918051	0.201355	0.48773	0.749911	0.580358	0.355877	0.352739	0.256471	0.070912	0.711381	0.855115	0.550558	0.600934	0.438939	0.46752	0.104645	0.309696
<i>Sensitivity - Frequentista</i>																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.26978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034
<i>Specificity - Frequentista</i>																					
Class: 1	0.94379	0.97633	0.92604	0.97337	0.48817	0.72781	0.99692	0.96	0.98769	0.50769	0.75077	0.89385	0.96089	0.47207	0.7067	0.95894	0.48094	0.70088	0.43401	0.65736	0.58779
Class: 2	0.55662	0.75624	0.61036	0.76392	0.29559	0.60269	0.97137	0.81391	0.93252	0.36401	0.69121	0.59116	0.81878	0.25304	0.61989	0.81194	0.32985	0.62836	0.26978	0.59278	0.59146
Class: 3	0.93836	0.82423	0.89045	0.78549	0.9137	0.53399	0.83228	0.9003	0.77793	0.91531	0.53451	0.95204	0.88609	0.93086	0.56795	0.80446	0.92115	0.54491	0.93423	0.5704	0.48874
Class: 4	0.77661	0.83808	0.72714	0.77661	0.05997	0.2084	0.97645	0.82246	0.84783	0.06341	0.23732	0.79167	0.845	0.05833	0.22333	0.88403	0.05703	0.22433	0.05316	0.20266	0.22034

Apéndice D

A continuación, se presenta los informes finales del mejor modelo (Dirichlet-Dirichlet) aplicada a la base de datos proporcionada por Cellsilab con tamaños muestrales del 10%, 25%, 50% y 75% de los 4365 células analizadas. Las gráficas obtenidas de las distintas pruebas para todas las parejas posibles, e incluso las mismas pruebas con los demás modelos se encuentran publicadas en la dirección <https://github.com/RicardoBorja>.

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 75%=2378 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – EQUIPROBABLE

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentista report																					
Accuracy	0.86683	0.824679	0.833232	0.794441	0.668907	0.501527	0.876909	0.884239	0.819792	0.714111	0.526268	0.849725	0.873549	0.630422	0.543372	0.826206	0.687538	0.526573	0.610263	0.535736	0.498473
AccuracyLower	0.854711	0.811214	0.820014	0.780186	0.652488	0.484253	0.865165	0.872783	0.80619	0.698295	0.508995	0.83702	0.861678	0.613624	0.526125	0.812784	0.671347	0.5093	0.593312	0.518475	0.481201
AccuracyUpper	0.878289	0.837562	0.845851	0.808168	0.685023	0.518799	0.887975	0.895004	0.832821	0.729544	0.543494	0.861802	0.884749	0.646986	0.560542	0.839043	0.703394	0.543798	0.627016	0.552934	0.515747
AccuracyNull	0.65058	0.65058	0.65058	0.65058	0.65058	0.65058	0.691509	0.691509	0.691509	0.691509	0.691509	0.576054	0.576054	0.576054	0.576054	0.649359	0.649359	0.649359	0.546732	0.546732	0.813378
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.014328	1	0	0	0	0.002569	1	0	0	0	0.999925	0	2e-06	1	0	0.899918	1
McNemarPValue	NaN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.717486	0.671844	0.6647	0.628298	0.238215	0.216124	0.758656	0.753464	0.663482	0.288695	0.240109	0.716082	0.775057	0.23767	0.279343	0.682222	0.275201	0.242525	0.229491	0.271372	0.135858
Kappa	0.740018	0.694433	0.688286	0.651372	0.265685	0.238937	0.778758	0.774619	0.685887	0.318209	0.262948	0.737401	0.793656	0.263436	0.30377	0.704132	0.303622	0.266258	0.25441	0.296023	0.157248
unweighted KappaUpper	0.76255	0.717023	0.711872	0.674446	0.293154	0.261749	0.798859	0.795773	0.708293	0.347723	0.285788	0.75872	0.812255	0.289202	0.328197	0.726042	0.332043	0.289991	0.279329	0.320674	0.178637
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.715932	0.670657	0.662761	0.626549	0.223995	0.209963	0.757394	0.751808	0.661403	0.274558	0.233111	0.715029	0.774134	0.224732	0.27631	0.680704	0.261953	0.237881	0.217242	0.268554	0.123378
Bayesian Kappa	0.740027	0.694489	0.688296	0.651459	0.266634	0.239303	0.778697	0.774628	0.685996	0.319381	0.263092	0.737388	0.793659	0.2641	0.303938	0.703981	0.30461	0.26661	0.255298	0.296275	0.157821
Bayesian KappaUpper	0.762976	0.717396	0.712779	0.675354	0.308368	0.268118	0.798931	0.795678	0.709284	0.361823	0.292379	0.75898	0.811964	0.30177	0.331338	0.726204	0.345275	0.295134	0.29169	0.32323	0.191445
Skewness BayesianKappa	-0.088048	-0.058431	-0.068184	-0.069187	-0.052965	-0.009412	-0.09345	-0.107676	-0.084654	-0.100042	-0.027183	-0.058081	-0.075195	-0.053756	-0.00465	-0.070317	-0.062883	-0.023869	-0.047672	-0.030373	-0.020828
Kurtosis BayesianKappa	0.019241	-0.017574	0.010162	0.027482	-0.002451	0.025791	0.002329	0.030241	0.050061	0.087987	-0.007732	-0.016923	0.006566	0.016117	0.022784	-0.009881	0.002069	-0.017068	-0.034767	-0.015125	0.019136
DIC	15465.41309	17056.59144	16317.82863	17567.91207	15040.60758	18818.62417	16013.88248	15267.5722	16884.56419	14355.82736	18364.01014	16812.54557	17402.03022	15871.35472	19469.08754	17290.31936	14974.29699	18834.10856	16160.80272	19701.5635	16359.77349
Stationarity p-value																					
cad1	0.207652	0.600966	0.928828	0.671492	0.307129	0.668492	0.66515	0.525173	0.725765	0.131709	0.537959	0.40673	0.517796	0.911464	0.732436	0.790518	0.612206	0.217354	0.416918	0.528554	0.31595
cad2	0.971402	0.443161	0.338321	0.411406	0.587988	0.376712	0.158919	0.851205	0.18356	0.694936	0.136852	0.468388	0.497627	0.161398	0.779656	0.318412	0.864956	0.082778	0.539143	0.12979	0.332444
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	0.94163	0.97276	0.92607	0.97276	0.46304	0.71595	0.99597	0.95968	0.9879	0.47984	0.73387	0.89668	0.95941	0.44649	0.70111	0.96124	0.45736	0.6938	0.41581	0.67354	0.57868
Class: 2	0.53158	0.72368	0.58947	0.74474	0.28158	0.59474	0.96821	0.80636	0.92775	0.37283	0.7052	0.57768	0.81599	0.25189	0.63348	0.80412	0.33402	0.63299	0.25951	0.6087	0.58967
Class: 3	0.94085	0.823	0.89014	0.78592	0.90892	0.53052	0.83039	0.89753	0.77827	0.9121	0.52959	0.95069	0.88706	0.92736	0.56575	0.80574	0.91769	0.53857	0.92961	0.5676	0.48517
Class: 4	0.76923	0.83235	0.72978	0.77712	0.05523	0.20118	0.98317	0.83173	0.85577	0.0601	0.23558	0.79956	0.85022	0.05947	0.22467	0.87407	0.04938	0.22963	0.04814	0.20569	0.19565
Specificity - Frequentista																					
Class: 1	0.94163	0.97276	0.92607	0.97276	0.46304	0.71595	0.99597	0.95968	0.9879	0.47984	0.73387	0.89668	0.95941	0.44649	0.70111	0.96124	0.45736	0.6938	0.41581	0.67354	0.57868
Class: 2	0.53158	0.72368	0.58947	0.74474	0.28158	0.59474	0.96821	0.80636	0.92775	0.37283	0.7052	0.57768	0.81599	0.25189	0.63348	0.80412	0.33402	0.63299	0.25951	0.6087	0.58967
Class: 3	0.94085	0.823	0.89014	0.78592	0.90892	0.53052	0.83039	0.89753	0.77827	0.9121	0.52959	0.95069	0.88706	0.92736	0.56575	0.80574	0.91769	0.53857	0.92961	0.5676	0.48517
Class: 4	0.76923	0.83235	0.72978	0.77712	0.05523	0.20118	0.98317	0.83173	0.85577	0.0601	0.23558	0.79956	0.85022	0.05947	0.22467	0.87407	0.04938	0.22963	0.04814	0.20569	0.19565

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 75%=2378 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – PREVALENCIA HOSPITAL

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentist report																					
Accuracy	0.86683	0.824679	0.833232	0.794441	0.668907	0.501527	0.876909	0.884239	0.819792	0.714111	0.526268	0.849725	0.873549	0.630422	0.543372	0.826206	0.687538	0.526573	0.510263	0.535736	0.498473
AccuracyLower	0.854711	0.811214	0.820014	0.780186	0.652488	0.484253	0.865165	0.872783	0.80619	0.698295	0.508995	0.83702	0.861678	0.613624	0.526125	0.812784	0.671347	0.5093	0.593312	0.518475	0.481201
AccuracyUpper	0.878389	0.837962	0.845851	0.808168	0.685023	0.518799	0.887975	0.895004	0.832821	0.729544	0.543454	0.861802	0.884749	0.646986	0.560542	0.839043	0.703394	0.543798	0.627016	0.552934	0.515747
AccuracyNull	0.65058	0.65058	0.65058	0.65058	0.65058	0.65058	0.691509	0.691509	0.691509	0.691509	0.691509	0.576054	0.576054	0.576054	0.576054	0.649359	0.649359	0.649359	0.546732	0.546732	0.813378
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.014328	1	0	0	0	0.002569	1	0	0	0	0.999925	0	2e-06	1	0	0.899918	1
McNemarPValue	NaN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.717486	0.671844	0.6647	0.628298	0.238215	0.216124	0.758656	0.753464	0.663482	0.288695	0.240109	0.716082	0.775057	0.23767	0.279343	0.682222	0.275201	0.242525	0.229491	0.271372	0.135858
Kappa	0.740018	0.694433	0.688286	0.651372	0.265685	0.238937	0.778758	0.774619	0.685887	0.318209	0.262948	0.737401	0.793656	0.263436	0.30377	0.704132	0.303622	0.266258	0.25441	0.296023	0.157248
unweighted KappaUpper	0.76255	0.717023	0.711872	0.674446	0.293154	0.261749	0.798859	0.795773	0.708293	0.347723	0.285788	0.75872	0.812255	0.289202	0.328197	0.726042	0.332043	0.289991	0.279329	0.320674	0.178637
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.715303	0.670022	0.662331	0.626131	0.221602	0.209829	0.756895	0.751441	0.661311	0.27384	0.233458	0.714626	0.773985	0.224468	0.275793	0.680559	0.260592	0.237129	0.216311	0.268735	0.122872
Bayesian Kappa	0.739681	0.69425	0.687886	0.65132	0.265608	0.238807	0.778959	0.774315	0.686618	0.318204	0.262842	0.737194	0.79345	0.263394	0.303628	0.703837	0.303711	0.266984	0.254272	0.296959	0.157242
Bayesian KappaUpper	0.762558	0.717109	0.712365	0.675252	0.307468	0.267676	0.798635	0.795574	0.708739	0.360442	0.29189	0.758581	0.811763	0.30189	0.331208	0.726057	0.344354	0.294998	0.291469	0.323048	0.190962
Skewness BayesianKappa	-0.098723	-0.078891	-0.081359	-0.064479	-0.071289	-0.008761	-0.09933	-0.106419	-0.062446	-0.079409	-0.016089	-0.066204	-0.081952	-0.031183	-0.004058	-0.087607	-0.067986	-0.007961	-0.036505	-0.015235	-0.036076
Kurtosis BayesianKappa	0.049459	0.013767	0.018937	-0.016545	0.027109	-0.013551	-0.00425	0.029541	0.003603	-0.024376	-0.005613	0.009748	0.033585	0.036054	0.005104	0.018883	-0.010629	-0.003932	-0.003309	0.013887	0.019437
DIC	15465.39388	17056.61611	16317.83686	17567.92648	15040.6222	18818.66469	16013.93446	15267.62054	16884.54653	14355.82761	18363.99651	16812.56518	17402.00637	15871.36576	19469.08295	17290.32185	14974.30058	18834.09926	16160.78533	19701.59107	16359.82184
Stationarity p-value																					
cad1	0.145793	0.758639	0.896566	0.884467	0.892866	0.715089	0.473141	0.223021	0.751455	0.525055	0.948205	0.057333	0.596044	0.774034	0.728038	0.462326	0.204062	0.557553	0.515432	0.687753	0.075761
cad2	0.746963	0.002	0.885203	0.104967	0.588561	0.172145	0.109177	0.792819	0.916531	0.888291	0.943774	0.412743	0.689511	0.879033	0.252514	0.993323	0.091591	0.329233	0.785954	0.689538	0.772246
Sensitivity - Frequentist																					
Class: 1	0.94163	0.97276	0.92607	0.97276	0.46304	0.71595	0.99597	0.95968	0.9879	0.47984	0.73387	0.89668	0.95941	0.44649	0.70111	0.96124	0.45736	0.6938	0.41581	0.67354	0.57868
Class: 2	0.53158	0.72368	0.58947	0.74474	0.28158	0.59474	0.96821	0.80636	0.92775	0.37283	0.7052	0.57768	0.81599	0.25189	0.63348	0.80412	0.33402	0.63299	0.25951	0.6087	0.58967
Class: 3	0.94085	0.823	0.89014	0.78592	0.90892	0.53052	0.83039	0.89753	0.77827	0.9121	0.52959	0.95069	0.88706	0.92736	0.56575	0.80574	0.91769	0.53857	0.92961	0.5676	0.48517
Class: 4	0.76923	0.83235	0.72978	0.77712	0.05523	0.20118	0.98317	0.83173	0.85577	0.0601	0.23558	0.79956	0.85022	0.05947	0.22467	0.87407	0.04938	0.22963	0.04814	0.20569	0.19565
Specificity - Frequentist																					
Class: 1	0.94163	0.97276	0.92607	0.97276	0.46304	0.71595	0.99597	0.95968	0.9879	0.47984	0.73387	0.89668	0.95941	0.44649	0.70111	0.96124	0.45736	0.6938	0.41581	0.67354	0.57868
Class: 2	0.53158	0.72368	0.58947	0.74474	0.28158	0.59474	0.96821	0.80636	0.92775	0.37283	0.7052	0.57768	0.81599	0.25189	0.63348	0.80412	0.33402	0.63299	0.25951	0.6087	0.58967
Class: 3	0.94085	0.823	0.89014	0.78592	0.90892	0.53052	0.83039	0.89753	0.77827	0.9121	0.52959	0.95069	0.88706	0.92736	0.56575	0.80574	0.91769	0.53857	0.92961	0.5676	0.48517
Class: 4	0.76923	0.83235	0.72978	0.77712	0.05523	0.20118	0.98317	0.83173	0.85577	0.0601	0.23558	0.79956	0.85022	0.05947	0.22467	0.87407	0.04938	0.22963	0.04814	0.20569	0.19565

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 75%=2378 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – PREVALENCIA ESPAÑA

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentist report																					
Accuracy	0.86683	0.824679	0.833232	0.794441	0.668907	0.501527	0.876909	0.884239	0.819792	0.714111	0.526268	0.849725	0.873549	0.630422	0.543372	0.826206	0.687538	0.526573	0.610263	0.536736	0.498473
AccuracyLower	0.854711	0.811214	0.820014	0.780186	0.652488	0.484263	0.865165	0.872783	0.80619	0.698295	0.508995	0.83702	0.861678	0.613624	0.526125	0.812784	0.671347	0.5093	0.593312	0.518475	0.481201
AccuracyUpper	0.878289	0.837562	0.845851	0.808168	0.685023	0.518799	0.887975	0.895004	0.832821	0.729544	0.543494	0.861802	0.884749	0.646886	0.580542	0.839043	0.703394	0.543798	0.627016	0.552934	0.515747
AccuracyNull	0.65058	0.65058	0.65058	0.65058	0.65058	0.65058	0.691509	0.691509	0.691509	0.691509	0.691509	0.576054	0.576054	0.576054	0.576054	0.649359	0.649359	0.649359	0.546732	0.546732	0.813378
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.014328	1	0	0	0	0.002569	1	0	0	0	0.999925	0	2e-06	1	0	0.999918	1
McnemarPValue	NaN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.717486	0.671844	0.6647	0.628298	0.238215	0.216124	0.758656	0.753464	0.663482	0.288695	0.240109	0.716082	0.775057	0.23767	0.279343	0.682222	0.275201	0.242525	0.229491	0.271372	0.135858
Kappa	0.740018	0.694433	0.688286	0.651372	0.265685	0.238937	0.778758	0.774619	0.685887	0.318209	0.262948	0.737401	0.793656	0.263436	0.30377	0.704132	0.303622	0.266258	0.25441	0.296023	0.157248
unweighted KappaUpper	0.76255	0.717023	0.711872	0.674446	0.293154	0.261749	0.798859	0.795773	0.708293	0.347723	0.285788	0.75872	0.812255	0.289202	0.328197	0.726042	0.332043	0.289991	0.279329	0.320674	0.178637
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.715163	0.670296	0.662656	0.626456	0.222433	0.209869	0.756931	0.751466	0.660988	0.273106	0.233015	0.714546	0.774302	0.223742	0.275944	0.680542	0.261036	0.237352	0.215893	0.268565	0.123006
Bayesian Kappa	0.739805	0.69408	0.687922	0.650997	0.265573	0.238923	0.778485	0.774313	0.685617	0.317862	0.262839	0.737153	0.793424	0.263452	0.303722	0.703872	0.303579	0.266385	0.254505	0.295987	0.157193
Bayesian KappaUpper	0.762529	0.717165	0.712258	0.674694	0.306582	0.267218	0.798772	0.795628	0.709127	0.360472	0.291971	0.758627	0.811619	0.30178	0.331158	0.726136	0.34446	0.294549	0.29103	0.322974	0.190503
Skewness BayesianKappa	-0.116285	-0.07442	-0.052787	-0.049027	-0.062985	-0.034346	-0.095339	-0.114685	-0.058814	-0.072698	-0.031735	-0.084615	-0.081266	-0.054297	-0.016555	-0.0666	-0.053318	-0.036069	-0.073595	-0.002631	-0.048151
Kurtosis BayesianKappa	0.041961	0.010253	-0.01504	0.014911	0.00178	-0.004421	0.010814	0.046498	0.020301	0.029692	0.018126	0.005095	0.011562	0.037605	-0.002465	-0.003677	-0.0494	0.000435	-0.004575	-0.002433	-0.045252
DIC	15465.42934	17056.58771	16317.86039	17567.92888	15040.63296	18818.54868	16013.8698	15267.5192	16884.58012	14355.84742	18364.03043	16812.55143	17402.02866	15871.37814	19469.08407	17290.33351	14974.33661	18834.09121	16160.81739	19701.59463	16359.79103
Stationarity p-value																					
cad1	0.489656	0.848503	0.783854	0.724073	0.53917	0.673683	0.282701	0.491199	0.515821	0.356053	0.578671	0.811964	0.050554	0.152287	0.604716	0.649762	0.90355	0.707709	0.419925	0.617302	0.482526
cad2	0.669449	0.719175	0.73265	0.061276	0.606686	0.069799	0.063977	0.071771	0.410663	0.215401	0.083717	0.851565	0.751851	0.059481	0.579671	0.315382	0.148132	0.222183	0.149638	0.292933	0.298714
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	0.94163	0.97276	0.92607	0.97276	0.46304	0.71595	0.99597	0.95968	0.9879	0.47984	0.73387	0.89668	0.95941	0.44649	0.70111	0.96124	0.45736	0.6938	0.41581	0.67354	0.57868
Class: 2	0.53158	0.72368	0.58947	0.74474	0.28158	0.59474	0.96821	0.80636	0.92775	0.37283	0.7052	0.57768	0.81599	0.25189	0.63348	0.80412	0.33402	0.63299	0.25951	0.6087	0.58967
Class: 3	0.94085	0.823	0.89014	0.78592	0.90892	0.53052	0.83039	0.89753	0.77827	0.9121	0.52959	0.95069	0.88706	0.92736	0.56575	0.80574	0.91769	0.53857	0.92961	0.5676	0.48517
Class: 4	0.76923	0.83235	0.72978	0.77712	0.05523	0.20118	0.98317	0.83173	0.85577	0.0601	0.23558	0.79956	0.85022	0.05947	0.22467	0.87407	0.04938	0.22963	0.04814	0.20569	0.19565
Specificity - Frequentista																					
Class: 1	0.94163	0.97276	0.92607	0.97276	0.46304	0.71595	0.99597	0.95968	0.9879	0.47984	0.73387	0.89668	0.95941	0.44649	0.70111	0.96124	0.45736	0.6938	0.41581	0.67354	0.57868
Class: 2	0.53158	0.72368	0.58947	0.74474	0.28158	0.59474	0.96821	0.80636	0.92775	0.37283	0.7052	0.57768	0.81599	0.25189	0.63348	0.80412	0.33402	0.63299	0.25951	0.6087	0.58967
Class: 3	0.94085	0.823	0.89014	0.78592	0.90892	0.53052	0.83039	0.89753	0.77827	0.9121	0.52959	0.95069	0.88706	0.92736	0.56575	0.80574	0.91769	0.53857	0.92961	0.5676	0.48517
Class: 4	0.76923	0.83235	0.72978	0.77712	0.05523	0.20118	0.98317	0.83173	0.85577	0.0601	0.23558	0.79956	0.85022	0.05947	0.22467	0.87407	0.04938	0.22963	0.04814	0.20569	0.19565

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 50%=2182 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – EQUIPROBABLE

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentista report																					
Accuracy	0.878552	0.835014	0.846013	0.797434	0.684235	0.501833	0.884051	0.896425	0.823556	0.725481	0.52429	0.853804	0.879468	0.63978	0.538955	0.825848	0.699817	0.528873	0.613657	0.529789	0.498625
AccuracyLower	0.864107	0.818763	0.830176	0.779946	0.664265	0.480634	0.86987	0.882874	0.806901	0.706233	0.503085	0.838276	0.865067	0.619231	0.51777	0.809272	0.680097	0.507672	0.592856	0.50859	0.477431
AccuracyUpper	0.891971	0.850359	0.860914	0.814118	0.703709	0.523027	0.897192	0.908901	0.839337	0.744122	0.545429	0.868374	0.892842	0.659953	0.560036	0.841544	0.718998	0.549995	0.634152	0.550908	0.519823
AccuracyNull	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.694775	0.694775	0.694775	0.694775	0.584326	0.584326	0.584326	0.664528	0.664528	0.664528	0.664528	0.549496	0.549496	0.824931	
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.029453	1	0	0	0	0.000907	1	0	0	0	0.999992	0	0.000234	1	0	0.969264	1
McNemarPValue	0	NaN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1e-06	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.731057	0.679779	0.674654	0.623986	0.237765	0.212474	0.764909	0.768838	0.66335	0.293353	0.234038	0.713286	0.779726	0.234132	0.267317	0.6728	0.267987	0.240269	0.222779	0.260454	0.135104
Kappa	0.758162	0.707187	0.703506	0.652371	0.272283	0.240026	0.789182	0.794077	0.690754	0.330097	0.261745	0.739608	0.802127	0.26614	0.297018	0.699935	0.303675	0.268767	0.252961	0.290249	0.160689
unweighted KappaUpper	0.785267	0.734596	0.732358	0.680755	0.306801	0.267579	0.813455	0.819315	0.718158	0.366841	0.289452	0.76593	0.824528	0.298148	0.326719	0.727071	0.339363	0.297265	0.283142	0.320044	0.186275
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.728749	0.6778	0.672124	0.621933	0.218626	0.205016	0.762982	0.766672	0.660976	0.276539	0.226233	0.711433	0.778072	0.217769	0.263338	0.670715	0.251207	0.233508	0.20692	0.256628	0.120139
Bayesian Kappa	0.758052	0.707149	0.703457	0.652334	0.274078	0.240404	0.789059	0.794036	0.690743	0.331865	0.262096	0.739515	0.801848	0.267477	0.297248	0.699844	0.30524	0.269143	0.253947	0.290504	0.161859
Bayesian KappaUpper	0.785693	0.734721	0.733091	0.681743	0.326056	0.275415	0.813054	0.818957	0.71866	0.384299	0.297695	0.765634	0.823646	0.314085	0.330935	0.727163	0.356283	0.30412	0.299593	0.32391	0.202873
Skewness BayesianKappa	-0.098582	-0.097132	-0.087917	-0.063661	-0.098745	-0.024303	-0.140433	-0.148485	-0.10167	-0.079961	-0.021884	-0.112814	-0.132646	-0.099494	-0.012423	-0.098857	-0.095666	-0.015901	-0.049867	-0.020144	-0.034098
Kurtosis BayesianKappa	-0.018092	-0.027699	-0.017845	0.050484	-0.009322	-0.016134	0.065384	0.050017	0.021117	-0.007475	0.054477	0.007222	0.006993	0.028349	-0.002739	0.026281	0.000663	0.001954	-0.020278	-0.025779	0.01005
DIC	10078.25577	11144.34128	10565.61031	11587.59204	9741.96692	12410.59684	10542.56972	9930.49609	11208.80473	9372.06829	12192.3772	11019.01455	11506.66247	10384.84495	12909.72214	11419.79068	9700.3523	12416.79042	10642.40608	13113.69705	10753.45159
Stationarity p-value																					
cad1	0.992665	0.399919	0.951425	0.569798	0.841945	0.684631	0.802501	0.903346	0.700997	0.45272	0.378635	0.594406	0.288658	0.616724	0.672438	0.90701	0.141716	0.128797	0.606181	0.317703	0.146585
cad2	0.471527	0.671572	0.679325	0.810258	0.699386	0.321313	0.209305	0.933235	0.867895	0.137339	0.514101	0.217468	0.402535	0.145085	0.991462	0.478524	0.065591	0.583784	0.173788	0.978555	0.063921
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	0.96407	0.98802	0.94611	0.98204	0.52096	0.76048	0.9939	0.96341	0.98171	0.53049	0.76829	0.89503	0.9558	0.49171	0.71823	0.97619	0.5119	0.73214	0.44444	0.67677	0.62595
Class: 2	0.58475	0.76271	0.61864	0.76695	0.26695	0.62712	0.97872	0.82553	0.92766	0.34468	0.69362	0.57604	0.82488	0.23502	0.62442	0.80707	0.29904	0.64952	0.23256	0.60677	0.60177
Class: 3	0.94142	0.82908	0.89938	0.78084	0.91592	0.5224	0.84037	0.91425	0.78034	0.92348	0.52573	0.95765	0.88863	0.93412	0.56	0.79793	0.92276	0.53655	0.94162	0.56464	0.48056
Class: 4	0.76829	0.83537	0.72256	0.79878	0.04268	0.18902	0.98127	0.81648	0.88015	0.05618	0.21723	0.78767	0.87329	0.04795	0.2089	0.90909	0.03953	0.20158	0.03846	0.1859	0.2
Specificity - Frequentista																					
Class: 1	0.96407	0.98802	0.94611	0.98204	0.52096	0.76048	0.9939	0.96341	0.98171	0.53049	0.76829	0.89503	0.9558	0.49171	0.71823	0.97619	0.5119	0.73214	0.44444	0.67677	0.62595
Class: 2	0.58475	0.76271	0.61864	0.76695	0.26695	0.62712	0.97872	0.82553	0.92766	0.34468	0.69362	0.57604	0.82488	0.23502	0.62442	0.80707	0.29904	0.64952	0.23256	0.60677	0.60177
Class: 3	0.94142	0.82908	0.89938	0.78084	0.91592	0.5224	0.84037	0.91425	0.78034	0.92348	0.52573	0.95765	0.88863	0.93412	0.56	0.79793	0.92276	0.53655	0.94162	0.56464	0.48056
Class: 4	0.76829	0.83537	0.72256	0.79878	0.04268	0.18902	0.98127	0.81648	0.88015	0.05618	0.21723	0.78767	0.87329	0.04795	0.2089	0.90909	0.03953	0.20158	0.03846	0.1859	0.2

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 50%=2182 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – PREVALENCIA HOSPITAL

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
<i>Frequentista report</i>																					
Accuracy	0.878552	0.835014	0.846013	0.797434	0.684235	0.501833	0.884051	0.896425	0.823556	0.725481	0.52429	0.853804	0.879468	0.63978	0.538955	0.825848	0.699817	0.528873	0.613657	0.529789	0.498625
AccuracyLower	0.864107	0.818763	0.830175	0.779946	0.664265	0.480634	0.86987	0.882874	0.806901	0.706233	0.503085	0.838276	0.865067	0.619231	0.51777	0.809272	0.680097	0.507672	0.592856	0.50859	0.477431
AccuracyUpper	0.891971	0.850359	0.860914	0.814118	0.703709	0.523027	0.897192	0.908901	0.839337	0.744122	0.545429	0.868374	0.892842	0.669953	0.560036	0.841544	0.718998	0.549995	0.634152	0.550908	0.519823
AccuracyNull	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.694775	0.694775	0.694775	0.694775	0.694775	0.584326	0.584326	0.584326	0.584326	0.664528	0.664528	0.664528	0.549496	0.549496	0.824931
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.029453	1	0	0	0	0.000907	1	0	0	0	0.999992	0	0.000234	1	0	0.969264	1
McnemarPValue	0	NaN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1e-06	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.731057	0.679779	0.674654	0.623986	0.237765	0.212474	0.764909	0.768838	0.66335	0.293353	0.234038	0.713286	0.779726	0.234132	0.267317	0.6728	0.267987	0.240269	0.222779	0.260454	0.135104
Kappa	0.758162	0.707187	0.703506	0.652371	0.272283	0.240026	0.789182	0.794077	0.690754	0.330097	0.261745	0.739608	0.802127	0.26614	0.297018	0.699935	0.303675	0.268767	0.252961	0.290349	0.160689
unweighted KappaUpper	0.785267	0.734596	0.732358	0.680755	0.306801	0.267579	0.813455	0.819315	0.718158	0.366841	0.289452	0.76593	0.824528	0.298148	0.326719	0.727071	0.339363	0.297265	0.283142	0.320044	0.186275
<i>Bayesian report</i>																					
Bayesian KappaLower	0.727966	0.677395	0.671694	0.621127	0.216918	0.204085	0.762661	0.76646	0.66077	0.274337	0.225475	0.711282	0.77824	0.217148	0.26232	0.67041	0.248662	0.232709	0.204852	0.256882	0.118292
Bayesian Kappa	0.75757	0.706665	0.703203	0.652139	0.272358	0.240003	0.788763	0.793654	0.6903	0.329991	0.261658	0.739312	0.801774	0.266147	0.296887	0.69958	0.303728	0.268623	0.252941	0.290196	0.160813
Bayesian KappaUpper	0.784593	0.734863	0.732707	0.681565	0.325173	0.274998	0.812866	0.818968	0.718529	0.382224	0.297271	0.765558	0.823717	0.313728	0.330586	0.727226	0.35487	0.303953	0.298218	0.323348	0.201786
Skewness BayesianKappa	-0.13004	-0.069706	-0.091649	-0.070526	-0.085829	-0.04099	-0.116511	-0.121135	-0.073156	-0.087101	-0.021055	-0.090714	-0.092879	-0.058945	-0.027155	-0.090366	-0.118083	-0.028238	-0.092839	-0.017614	-0.043878
Kurtosis BayesianKappa	0.027542	0.017799	0.023847	0.02488	0.027586	0.008643	-0.03776	0.022216	0.022366	-0.00361	0.001584	0.014082	0.014824	0.001941	-0.020832	0.023591	0.045298	-0.001882	0.034046	-0.014834	0.004104
DIC	10078.30998	11144.34856	10565.59679	11587.59832	9741.9679	12410.59009	10542.5283	9930.51836	11208.74393	9372.09588	12192.37603	11019.00152	11506.66088	10384.87168	12909.73854	11419.76684	9700.30008	12416.76932	10642.4133	13113.71805	10753.44565
<i>Stationarity p-value</i>																					
cad1	0.931021	0.504267	0.236828	0.401904	0.96316	0.76152	0.280912	0.477414	0.244173	0.965071	0.122457	0.144232	0.139684	0.059769	0.906959	0.223382	0.561634	0.663189	0.462609	0.641099	0.863504
cad2	0.72179	0.252592	0.796834	0.407318	0.813476	0.354013	0.789864	0.751061	0.695768	0.426994	0.365607	0.620868	0.631424	0.615878	0.822244	0.269851	0.819657	0.203477	0.196263	0.611855	0.159635
<i>Sensitivity - Frequentista</i>																					
Class: 1	0.96407	0.98802	0.94611	0.98204	0.52096	0.76048	0.9939	0.96341	0.98171	0.53049	0.76829	0.89503	0.9558	0.49171	0.71823	0.97619	0.5119	0.73214	0.44444	0.67677	0.62595
Class: 2	0.58475	0.76271	0.61864	0.76695	0.26695	0.62712	0.97872	0.82553	0.92766	0.34468	0.69362	0.57604	0.82488	0.23502	0.62442	0.80707	0.29904	0.64952	0.23256	0.60677	0.60177
Class: 3	0.94142	0.82908	0.89938	0.78084	0.91592	0.5224	0.84037	0.91425	0.78034	0.92348	0.52573	0.95765	0.88863	0.93412	0.56	0.79793	0.92276	0.53655	0.94162	0.56464	0.48056
Class: 4	0.76829	0.83537	0.72256	0.79878	0.04268	0.18902	0.98127	0.81648	0.88015	0.05618	0.21723	0.78767	0.87329	0.04795	0.2089	0.90909	0.03953	0.20158	0.03846	0.1859	0.2
<i>Specificity - Frequentista</i>																					
Class: 1	0.96407	0.98802	0.94611	0.98204	0.52096	0.76048	0.9939	0.96341	0.98171	0.53049	0.76829	0.89503	0.9558	0.49171	0.71823	0.97619	0.5119	0.73214	0.44444	0.67677	0.62595
Class: 2	0.58475	0.76271	0.61864	0.76695	0.26695	0.62712	0.97872	0.82553	0.92766	0.34468	0.69362	0.57604	0.82488	0.23502	0.62442	0.80707	0.29904	0.64952	0.23256	0.60677	0.60177
Class: 3	0.94142	0.82908	0.89938	0.78084	0.91592	0.5224	0.84037	0.91425	0.78034	0.92348	0.52573	0.95765	0.88863	0.93412	0.56	0.79793	0.92276	0.53655	0.94162	0.56464	0.48056
Class: 4	0.76829	0.83537	0.72256	0.79878	0.04268	0.18902	0.98127	0.81648	0.88015	0.05618	0.21723	0.78767	0.87329	0.04795	0.2089	0.90909	0.03953	0.20158	0.03846	0.1859	0.2

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 50%=2182 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – PREVALENCIA ESPAÑA

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentista report																					
Accuracy	0.878552	0.835014	0.846013	0.797434	0.684235	0.501833	0.884051	0.896425	0.823555	0.725481	0.52429	0.853804	0.879468	0.63978	0.538955	0.825848	0.699817	0.528873	0.613657	0.529789	0.498625
AccuracyLower	0.864107	0.818753	0.830175	0.779946	0.664265	0.480634	0.865987	0.882874	0.806901	0.706233	0.503085	0.838276	0.865067	0.619231	0.51777	0.809272	0.680097	0.507672	0.592856	0.50859	0.477431
AccuracyUpper	0.891971	0.850359	0.860914	0.814118	0.703709	0.523027	0.897192	0.908901	0.839337	0.744122	0.545429	0.868374	0.892842	0.659953	0.560036	0.841544	0.718998	0.549995	0.634152	0.550908	0.519823
AccuracyNull	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.694775	0.694775	0.694775	0.694775	0.694775	0.584326	0.584326	0.584326	0.584326	0.664528	0.664528	0.664528	0.549496	0.549496	0.824931
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.029453	1	0	0	0	0.000907	1	0	0	0	0.999992	0	0.000234	1	0	0.969264	1
McNemarPValue	0	NaN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1e-06	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.731057	0.679779	0.674654	0.623986	0.237765	0.212474	0.764909	0.768838	0.66335	0.293353	0.234038	0.713286	0.779726	0.234132	0.267317	0.6728	0.267987	0.340269	0.222779	0.260454	0.135104
Kappa	0.758152	0.707187	0.703506	0.652371	0.272283	0.240026	0.789182	0.794077	0.690754	0.330097	0.261745	0.739608	0.802127	0.26614	0.297018	0.699935	0.303675	0.268757	0.252961	0.290249	0.160689
unweighted KappaUpper	0.785267	0.734596	0.732358	0.680755	0.306801	0.267579	0.813455	0.819315	0.718158	0.366841	0.289452	0.76593	0.824528	0.298148	0.326719	0.727071	0.339363	0.297265	0.283142	0.320044	0.186275
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.727887	0.677377	0.671573	0.621367	0.216293	0.204192	0.762576	0.766209	0.660611	0.274052	0.225487	0.711415	0.777953	0.216641	0.262956	0.670415	0.249077	0.232966	0.205037	0.256784	0.118908
Bayesian Kappa	0.757544	0.706716	0.703176	0.652087	0.271777	0.240138	0.788791	0.793572	0.690308	0.329714	0.261719	0.739206	0.801809	0.265769	0.296937	0.699687	0.303208	0.268574	0.252847	0.290218	0.160861
Bayesian KappaUpper	0.784894	0.734945	0.732578	0.681515	0.324749	0.275077	0.813032	0.818843	0.718504	0.382077	0.297283	0.765482	0.823683	0.312938	0.33023	0.72696	0.354509	0.303517	0.29831	0.323323	0.201358
Skewness BayesianKappa	-0.127978	-0.078454	-0.101152	-0.0684	-0.07072	-0.033515	-0.105859	-0.128838	-0.081069	-0.071902	-0.041922	-0.075571	-0.110125	-0.066826	-0.031795	-0.090674	-0.070314	-0.03271	-0.075403	-0.014671	-0.054695
Kurtosis BayesianKappa	0.048416	0.022939	0.020733	-0.005858	0.026498	0.01581	0.017439	0.02227	0.031836	-0.025778	0.018506	0.008335	0.002808	0.018714	0.014669	-0.023979	-0.008504	-0.014208	0.002512	0.005391	0.008148
DIC	10078.32902	11144.30174	10565.57853	11587.59272	9741.99362	12410.60943	10542.56386	9930.54788	11208.76274	9372.12118	12192.41379	11019.01232	11506.6384	10384.85431	12909.74277	11419.79271	9700.32365	12416.7508	10642.44392	13113.74081	10753.44174
Stationarity p-value																					
cad1	0.593544	0.34685	0.527016	0.541449	0.28714	0.651367	0.615022	0.070242	0.951473	0.124529	0.649081	0.871779	0.700029	0.286682	0.356536	0.22274	0.201317	0.435034	0.74975	0.073603	0.151992
cad2	0.597854	0.349631	0.096981	0.572497	0.559483	0.561703	0.772721	0.453055	0.101495	0.526251	0.935033	0.675396	0.396265	0.767406	0.548069	0.801908	0.683122	0.169686	0.17537	0.570512	0.147855
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	0.96407	0.98802	0.94611	0.98204	0.52096	0.76048	0.9939	0.96341	0.98171	0.53049	0.76829	0.89503	0.9558	0.49171	0.71823	0.97619	0.5119	0.73214	0.44444	0.67677	0.62595
Class: 2	0.58475	0.76271	0.61864	0.76695	0.26695	0.62712	0.97872	0.82553	0.92766	0.34468	0.69362	0.57604	0.82488	0.23502	0.62442	0.80707	0.29904	0.64952	0.23256	0.60677	0.60177
Class: 3	0.94142	0.82908	0.89938	0.78084	0.91592	0.5224	0.84037	0.91425	0.78034	0.92348	0.52573	0.95765	0.88863	0.93412	0.56	0.79793	0.92276	0.53655	0.94162	0.56464	0.48056
Class: 4	0.76829	0.83537	0.72256	0.79878	0.04268	0.18902	0.98127	0.81648	0.88015	0.05618	0.21723	0.78767	0.87329	0.04795	0.2089	0.90909	0.03953	0.20158	0.03846	0.1859	0.2
Specificity - Frequentista																					
Class: 1	0.96407	0.98802	0.94611	0.98204	0.52096	0.76048	0.9939	0.96341	0.98171	0.53049	0.76829	0.89503	0.9558	0.49171	0.71823	0.97619	0.5119	0.73214	0.44444	0.67677	0.62595
Class: 2	0.58475	0.76271	0.61864	0.76695	0.26695	0.62712	0.97872	0.82553	0.92766	0.34468	0.69362	0.57604	0.82488	0.23502	0.62442	0.80707	0.29904	0.64952	0.23256	0.60677	0.60177
Class: 3	0.94142	0.82908	0.89938	0.78084	0.91592	0.5224	0.84037	0.91425	0.78034	0.92348	0.52573	0.95765	0.88863	0.93412	0.56	0.79793	0.92276	0.53655	0.94162	0.56464	0.48056
Class: 4	0.76829	0.83537	0.72256	0.79878	0.04268	0.18902	0.98127	0.81648	0.88015	0.05618	0.21723	0.78767	0.87329	0.04795	0.2089	0.90909	0.03953	0.20158	0.03846	0.1859	0.2

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 25%=1091 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – EQUIPROBABLE

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
<i>Frequentista report</i>																					
Accuracy	0.857012	0.805683	0.819432	0.761687	0.684693	0.506874	0.868011	0.88451	0.804766	0.715857	0.537122	0.850596	0.862511	0.628781	0.553621	0.817599	0.694775	0.544455	0.6022	0.540788	0.517874
AccuracyLower	0.83482	0.780934	0.795297	0.735261	0.656193	0.476755	0.846473	0.864041	0.779978	0.688079	0.50701	0.828041	0.840641	0.599338	0.523553	0.793379	0.666493	0.514358	0.572455	0.510683	0.487751
AccuracyUpper	0.877258	0.82877	0.841829	0.786693	0.712193	0.536946	0.887541	0.902876	0.827898	0.742465	0.567033	0.87124	0.882405	0.657527	0.583398	0.840091	0.722003	0.574311	0.631392	0.570673	0.5479
AccuracyNull	0.653529	0.653529	0.653529	0.653529	0.653529	0.653529	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.567369	0.567369	0.567369	0.567369	0.644363	0.644363	0.644363	0.535289	0.535289	0.824015
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.016025	1	0	0	0	0.030377	1	0	0	2.2e-05	0.828259	0	0.000247	1	5e-06	0.369491	1
McNemarPValue	NaN	NaN	0.000633	0	0	0	NaN	4.9e-05	0	0	0	0	0.01126	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.680672	0.622746	0.621185	0.557418	0.237675	0.190873	0.729588	0.740499	0.624372	0.261036	0.224412	0.704888	0.744708	0.216825	0.2656	0.654591	0.266364	0.240011	0.201742	0.253087	0.130673
Kappa	0.720817	0.66317	0.663131	0.598856	0.286538	0.23168	0.765102	0.776828	0.663722	0.313477	0.265353	0.74131	0.77766	0.261358	0.309118	0.692905	0.315955	0.282279	0.244555	0.296567	0.168503
unweighted KappaUpper	0.760961	0.703593	0.705078	0.640293	0.3354	0.272487	0.800617	0.813157	0.703072	0.365918	0.306294	0.777731	0.810612	0.305891	0.352637	0.73122	0.365546	0.324546	0.287368	0.340046	0.206332
<i>Bayesian report</i>																					
Bayesian KappaLower	0.676703	0.619119	0.617389	0.553994	0.212782	0.180474	0.726204	0.736402	0.619921	0.2371	0.213398	0.702094	0.742221	0.19509	0.261081	0.651855	0.2444	0.231787	0.180884	0.249877	0.108285
Bayesian Kappa	0.720889	0.663215	0.66328	0.599075	0.28959	0.232646	0.764889	0.776639	0.66377	0.316482	0.2662	0.741054	0.77744	0.263663	0.309619	0.692755	0.318918	0.283123	0.246785	0.297499	0.170234
Bayesian KappaUpper	0.760524	0.703772	0.705668	0.641839	0.360629	0.282069	0.800233	0.812431	0.704047	0.389155	0.317839	0.776775	0.809169	0.32885	0.357011	0.731124	0.387607	0.333096	0.309826	0.344685	0.228908
Skewness BayesianKappa	-0.149308	-0.11842	-0.126734	-0.076035	-0.11914	-0.062061	-0.135864	-0.177647	-0.105316	-0.149166	-0.04134	-0.132037	-0.15364	-0.08669	-0.041987	-0.124366	-0.116795	-0.038108	-0.078314	-0.024209	-0.07195
Kurtosis BayesianKappa	0.029083	-0.027917	-0.010475	0.023914	0.029733	-0.020207	0.015272	0.076376	0.031593	0.061167	-0.00622	0.005247	0.065532	0.02065	0.000233	0.091282	0.039141	-0.000519	-0.001888	0.023221	0.009238
DVC	5204.31369	5754.01382	5496.49639	5962.04566	4934.6711	6225.99819	5399.34414	5115.30155	5709.6205	4745.39734	6088.64558	5625.25566	5876.53185	5253.01886	6452.73417	5825.93166	4942.64795	6243.14903	5364.61624	6542.3163	5358.97872
<i>Stationarity p-value</i>																					
cad1	0.169109	0.873036	0.155875	0.335954	0.632006	0.087873	0.259963	0.881571	0.210216	0.522342	0.774631	0.90263	0.841718	0.361557	0.845546	0.830934	0.901722	0.166892	0.815086	0.52158	0.172181
cad2	0.953623	0.127195	0.686652	0.286938	0.398943	0.560508	0.328595	0.405261	0.376796	0.792464	0.971908	0.348774	0.983452	0.0748	0.853427	0.259315	0.699528	0.475993	0.161425	0.368168	0.895684
<i>Sensitivity - Frequentista</i>																					
Class: 1	0.96512	0.98837	0.9186	0.97674	0.46512	0.75581	1	0.95238	0.97619	0.47619	0.77381	0.87097	0.94624	0.43011	0.73118	0.96512	0.46512	0.73256	0.39604	0.68317	0.61905
Class: 2	0.51471	0.72794	0.56618	0.69118	0.28676	0.58824	0.98413	0.80952	0.52857	0.35714	0.68254	0.59671	0.80658	0.25514	0.61728	0.81034	0.32184	0.63218	0.24335	0.59316	0.60526
Class: 3	0.93268	0.80365	0.87798	0.76017	0.92146	0.53717	0.81915	0.89628	0.7633	0.91489	0.54388	0.95638	0.88045	0.93376	0.57997	0.79232	0.9303	0.56046	0.93322	0.58219	0.50501
Class: 4	0.75	0.78205	0.71795	0.71154	0.07051	0.16026	0.95349	0.84496	0.81395	0.06202	0.20155	0.80882	0.82353	0.04412	0.19853	0.86719	0.0625	0.21094	0.05594	0.17483	0.2
<i>Specificity - Frequentista</i>																					
Class: 1	0.96512	0.98837	0.9186	0.97674	0.46512	0.75581	1	0.95238	0.97619	0.47619	0.77381	0.87097	0.94624	0.43011	0.73118	0.96512	0.46512	0.73256	0.39604	0.68317	0.61905
Class: 2	0.51471	0.72794	0.56618	0.69118	0.28676	0.58824	0.98413	0.80952	0.52857	0.35714	0.68254	0.59671	0.80658	0.25514	0.61728	0.81034	0.32184	0.63218	0.24335	0.59316	0.60526
Class: 3	0.93268	0.80365	0.87798	0.76017	0.92146	0.53717	0.81915	0.89628	0.7633	0.91489	0.54388	0.95638	0.88045	0.93376	0.57997	0.79232	0.9303	0.56046	0.93322	0.58219	0.50501
Class: 4	0.75	0.78205	0.71795	0.71154	0.07051	0.16026	0.95349	0.84496	0.81395	0.06202	0.20155	0.80882	0.82353	0.04412	0.19853	0.86719	0.0625	0.21094	0.05594	0.17483	0.2

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 25%=1091 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – PREVALENCIA HOSPITAL

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentista report																					
Accuracy	0.857012	0.805683	0.819432	0.761687	0.684693	0.506874	0.868011	0.88451	0.804766	0.715857	0.537122	0.850596	0.862511	0.628781	0.553621	0.817599	0.694775	0.544455	0.6022	0.540788	0.517874
AccuracyLower	0.83482	0.780934	0.795297	0.735261	0.656193	0.476765	0.846473	0.864041	0.779978	0.688079	0.50701	0.828041	0.840641	0.599338	0.523553	0.793379	0.666493	0.514358	0.572455	0.510683	0.487751
AccuracyUpper	0.877258	0.82877	0.841829	0.786693	0.712193	0.536946	0.887541	0.902876	0.827898	0.742465	0.567033	0.87124	0.882405	0.657527	0.583398	0.840091	0.722003	0.574311	0.631392	0.570673	0.5479
AccuracyNull	0.653529	0.653529	0.653529	0.653529	0.653529	0.653529	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.016025	1	0	0	0	0.030377	1	0	0	0	0	2.2e-05	0.828259	0	0.000247	1	5e-06
McnemarPValue	NaN	NaN	0.000633	0	0	0	NaN	4.9e-05	0	0	0	0	0	0.01126	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.680672	0.622746	0.621185	0.557418	0.237675	0.190873	0.729688	0.740499	0.624372	0.261036	0.224412	0.704888	0.744708	0.216825	0.2656	0.654591	0.266364	0.240011	0.201742	0.253087	0.130673
Kappa	0.720817	0.66317	0.663131	0.598856	0.286538	0.23168	0.765102	0.776828	0.663722	0.313477	0.265353	0.74131	0.77766	0.261358	0.309118	0.692905	0.315955	0.282279	0.244555	0.296567	0.168503
unweighted KappaUpper	0.760961	0.703593	0.705078	0.640293	0.3354	0.272487	0.800617	0.813157	0.703072	0.366918	0.306294	0.777731	0.810612	0.305891	0.362637	0.73122	0.365546	0.324546	0.287368	0.340046	0.206332
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.675873	0.618554	0.615961	0.552484	0.208714	0.179773	0.725847	0.735973	0.61933	0.232169	0.212177	0.700969	0.741681	0.192548	0.260779	0.651567	0.241488	0.231216	0.177058	0.248042	0.107091
Bayesian Kappa	0.720104	0.6626	0.662506	0.598398	0.285816	0.231886	0.764334	0.776109	0.663071	0.313189	0.265023	0.740579	0.776845	0.261252	0.309418	0.692233	0.315603	0.282048	0.244162	0.296438	0.168595
Bayesian KappaUpper	0.760246	0.703239	0.705431	0.641443	0.357364	0.281915	0.798962	0.811711	0.703599	0.386257	0.315835	0.776183	0.809064	0.326574	0.366916	0.73045	0.384627	0.331997	0.306729	0.343483	0.228101
Skewness BayesianKappa	-0.14672	-0.125037	-0.135939	-0.103948	-0.110024	-0.052941	-0.160118	-0.186013	-0.11232	-0.138858	-0.057121	-0.158708	-0.134841	-0.09057	-0.031299	-0.115217	-0.115684	-0.04076	-0.103192	-0.035171	-0.051878
Kurtosis BayesianKappa	0.004622	0.029771	0.073562	0.018162	0.000968	-0.05081	0.024859	0.121293	0.068103	0.042309	0.013989	0.031091	0.010223	0.011931	0.009504	0.010868	-0.00872	-0.009123	0.003989	0.003672	0.003948
DVC	5204.31699	5754.03053	5496.5344	5962.09719	4934.65183	6226.00118	5399.36449	5115.36921	5709.6319	4745.42019	6088.66931	5625.22433	5876.60242	5252.9927	6452.75461	5825.95058	4942.68387	6243.14102	5364.61069	6542.33042	5359.00256
Stationarity p-value																					
cad1	0.000852	0.755426	0.606877	0.129817	0.921757	0.117279	0.092037	0.5746	0.661998	0.391937	0.435301	0.060397	0.642817	0.592328	0.05021	0.592717	0.301005	0.201536	0.498427	0.728821	0.618281
cad2	0.530085	0.722567	0.357027	0.651435	0.859262	0.994874	0.604236	0.410921	0.133233	0.319746	0.11981	0.2105	0.637695	0.824167	0.508256	0.56266	0.496384	0.175541	0.559506	0.067318	0.906543
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	0.96512	0.98837	0.9186	0.97674	0.46512	0.75581	1	0.95238	0.97619	0.47619	0.77381	0.87097	0.94624	0.43011	0.73118	0.96512	0.46512	0.73256	0.39604	0.68317	0.61905
Class: 2	0.51471	0.72794	0.56618	0.69118	0.28676	0.58824	0.98413	0.80952	0.92857	0.35714	0.68254	0.59671	0.80658	0.25514	0.61728	0.81034	0.32184	0.63218	0.24335	0.59316	0.60526
Class: 3	0.93268	0.80365	0.87798	0.76017	0.92146	0.53717	0.81915	0.89628	0.7633	0.91489	0.54388	0.95638	0.88045	0.93376	0.57997	0.79232	0.9303	0.56046	0.93322	0.58219	0.50501
Class: 4	0.75	0.78205	0.71795	0.71154	0.07051	0.16026	0.95349	0.84496	0.81395	0.06202	0.20155	0.80882	0.82353	0.04412	0.19853	0.86719	0.0625	0.21094	0.05594	0.17483	0.2
Specificity - Frequentista																					
Class: 1	0.96512	0.98837	0.9186	0.97674	0.46512	0.75581	1	0.95238	0.97619	0.47619	0.77381	0.87097	0.94624	0.43011	0.73118	0.96512	0.46512	0.73256	0.39604	0.68317	0.61905
Class: 2	0.51471	0.72794	0.56618	0.69118	0.28676	0.58824	0.98413	0.80952	0.92857	0.35714	0.68254	0.59671	0.80658	0.25514	0.61728	0.81034	0.32184	0.63218	0.24335	0.59316	0.60526
Class: 3	0.93268	0.80365	0.87798	0.76017	0.92146	0.53717	0.81915	0.89628	0.7633	0.91489	0.54388	0.95638	0.88045	0.93376	0.57997	0.79232	0.9303	0.56046	0.93322	0.58219	0.50501
Class: 4	0.75	0.78205	0.71795	0.71154	0.07051	0.16026	0.95349	0.84496	0.81395	0.06202	0.20155	0.80882	0.82353	0.04412	0.19853	0.86719	0.0625	0.21094	0.05594	0.17483	0.2

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 25%=1091 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – PREVALENCIA ESPAÑA

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentista report																					
Accuracy	0.857012	0.805683	0.819432	0.761687	0.684693	0.506874	0.868011	0.88451	0.804766	0.715857	0.537122	0.850596	0.862511	0.628781	0.553621	0.817599	0.694775	0.544455	0.6022	0.540788	0.517874
AccuracyLower	0.83482	0.780934	0.795297	0.735261	0.656193	0.476765	0.846473	0.864041	0.779978	0.688079	0.50701	0.828041	0.840641	0.599338	0.523553	0.793379	0.666493	0.514358	0.572455	0.510683	0.487751
AccuracyUpper	0.877258	0.82877	0.841829	0.786693	0.712193	0.536946	0.887541	0.902876	0.827898	0.742465	0.567033	0.87124	0.882405	0.657527	0.583398	0.840091	0.722003	0.574311	0.631392	0.570673	0.5479
AccuracyNull	0.653529	0.653529	0.653529	0.653529	0.653529	0.653529	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.689276	0.567369	0.567369	0.567369	0.567369	0.644363	0.644363	0.644363	0.535289	0.535289	0.824015
AccuracyPValue	0	0	0	0	0.016025	1	0	0	0	0.030377	1	0	0	2.2e-05	0.828259	0	0.000247	1	5e-06	0.369491	1
McnemarPValue	NaN	NaN	0.000633	0	0	0	NaN	4.9e-05	0	0	0	0	0.01126	0	0	0	0	0	0	0	0
unweighted KappaLower	0.680672	0.622746	0.621185	0.557418	0.237675	0.190873	0.729588	0.740499	0.624372	0.261036	0.224412	0.704888	0.744708	0.216825	0.2656	0.654591	0.266364	0.240011	0.201742	0.253087	0.130673
Kappa	0.720817	0.66317	0.663131	0.598856	0.286538	0.23168	0.765102	0.776828	0.663722	0.313477	0.265353	0.74131	0.77766	0.261358	0.309118	0.692905	0.315955	0.282279	0.244555	0.296567	0.168503
unweighted KappaUpper	0.760961	0.703593	0.705078	0.640293	0.3354	0.272487	0.800617	0.813157	0.703072	0.365918	0.306294	0.777731	0.810612	0.305891	0.352637	0.73122	0.365546	0.324546	0.287368	0.340046	0.206332
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.675147	0.618548	0.615899	0.552997	0.208602	0.179943	0.726064	0.736091	0.618978	0.23344	0.212891	0.70136	0.741837	0.191615	0.260258	0.65126	0.240731	0.230657	0.177247	0.248642	0.106404
Bayesian Kappa	0.71982	0.662517	0.662337	0.598321	0.286003	0.231569	0.764426	0.776078	0.662942	0.312855	0.265226	0.740459	0.776967	0.260836	0.309138	0.692158	0.315597	0.282231	0.244669	0.29621	0.168526
Bayesian KappaUpper	0.760237	0.702979	0.705583	0.641728	0.357776	0.28185	0.799161	0.811909	0.703425	0.385941	0.316566	0.776473	0.8094	0.325055	0.366521	0.730452	0.383765	0.331679	0.307434	0.343236	0.227584
Skewness BayesianKappa	-0.135031	-0.116052	-0.113368	-0.075619	-0.125811	-0.044457	-0.14129	-0.158756	-0.12744	-0.130474	-0.040487	-0.131608	-0.133718	-0.111557	-0.055299	-0.109868	-0.139546	-0.067908	-0.102657	-0.024945	-0.079964
Kurtosis BayesianKappa	-0.000811	-0.001513	0.009715	0.031954	0.015892	0.030466	0.031927	-0.001028	0.034889	0.031777	-0.022529	0.027991	0.069697	0.038679	0.019869	0.055869	0.017985	0.028486	0.024933	-0.00719	0.020616
DiC	5204.36253	5754.02974	5496.48899	5962.081	4934.69735	6225.98066	5399.36614	5115.36052	5709.6427	4745.43801	6088.66537	5625.21229	5876.61879	5252.97277	6452.75507	5825.91446	4942.6936	6243.15772	5364.6253	6542.33971	5358.98718
Stationarity p-value																					
cad1	0.071418	0.093267	0.365311	0.481284	0.765189	0.07111	0.109574	0.606583	0.647785	0.452345	0.756585	0.376596	0.950533	0.079939	0.050759	0.798021	0.558185	0.724358	0.781062	0.800638	0.909786
cad2	0.797241	0.367554	0.690155	0.072074	0.146285	0.092231	0.287252	0.57775	0.530444	0.211581	0.952542	0.963721	0.130765	0.056719	0.563432	0.131747	0.799196	0.492381	0.125832	0.606099	0.441795
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	0.96512	0.98837	0.9186	0.97674	0.46512	0.75581	1	0.95238	0.97619	0.47619	0.77381	0.87097	0.94624	0.43011	0.73118	0.96512	0.46512	0.73256	0.39604	0.68317	0.61905
Class: 2	0.51471	0.72794	0.56618	0.69118	0.28676	0.58824	0.98413	0.80952	0.92857	0.35714	0.68254	0.59671	0.80658	0.25514	0.61728	0.81034	0.32184	0.63218	0.24335	0.59316	0.60526
Class: 3	0.93268	0.80365	0.87798	0.76017	0.92146	0.53717	0.81915	0.89628	0.7633	0.91489	0.54388	0.95638	0.88045	0.93376	0.57997	0.79232	0.9303	0.56046	0.93322	0.58219	0.50501
Class: 4	0.75	0.78205	0.71795	0.71154	0.07051	0.16026	0.95349	0.84496	0.81395	0.06202	0.20155	0.80882	0.82353	0.04412	0.19853	0.86719	0.0625	0.21094	0.05594	0.17483	0.2
Specificity - Frequentista																					
Class: 1	0.96512	0.98837	0.9186	0.97674	0.46512	0.75581	1	0.95238	0.97619	0.47619	0.77381	0.87097	0.94624	0.43011	0.73118	0.96512	0.46512	0.73256	0.39604	0.68317	0.61905
Class: 2	0.51471	0.72794	0.56618	0.69118	0.28676	0.58824	0.98413	0.80952	0.92857	0.35714	0.68254	0.59671	0.80658	0.25514	0.61728	0.81034	0.32184	0.63218	0.24335	0.59316	0.60526
Class: 3	0.93268	0.80365	0.87798	0.76017	0.92146	0.53717	0.81915	0.89628	0.7633	0.91489	0.54388	0.95638	0.88045	0.93376	0.57997	0.79232	0.9303	0.56046	0.93322	0.58219	0.50501
Class: 4	0.75	0.78205	0.71795	0.71154	0.07051	0.16026	0.95349	0.84496	0.81395	0.06202	0.20155	0.80882	0.82353	0.04412	0.19853	0.86719	0.0625	0.21094	0.05594	0.17483	0.2

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 10%=436 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – EQUIPROBABLE

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
<i>Frequentist report</i>																					
Accuracy	0.899908	0.827982	0.827982	0.761468	0.68578	0.548165	0.892202	0.857798	0.793578	0.729358	0.575688	0.827982	0.837156	0.637615	0.605505	0.802752	0.699541	0.577982	0.598624	0.573394	0.543578
AccuracyLower	0.856693	0.789215	0.789215	0.718619	0.639907	0.500111	0.859237	0.821441	0.752505	0.685042	0.527767	0.789215	0.799086	0.590634	0.557893	0.76225	0.65411	0.530078	0.550925	0.525457	0.495516
AccuracyUpper	0.917704	0.862225	0.862225	0.800728	0.72911	0.595561	0.919712	0.889206	0.830613	0.770529	0.622575	0.862225	0.870572	0.682814	0.651675	0.839088	0.74224	0.62482	0.644975	0.62033	0.591045
AccuracyNull	0.676606	0.676606	0.676606	0.676606	0.676606	0.676606	0.690367	0.690367	0.690367	0.690367	0.690367	0.582569	0.582569	0.582569	0.582569	0.658257	0.658257	0.658257	0.53211	0.53211	0.832569
AccuracyPValue	0	0	0	6.4e-05	0.362042	1	0	0	1e-06	0.043451	1	0	0	0.01085	0.178217	0	0.037582	0.999794	0.00302	0.046271	1
McNemarPValue	NaN	NaN	NaN	0	0	0	NaN	NaN	0	0	0	NaN	0.006777	0	0	NaN	0	0	0	1e-06	NaN
unweighted KappaLower	0.720786	0.630711	0.601294	0.530197	0.175783	0.223141	0.752482	0.657344	0.582071	0.254678	0.256061	0.633157	0.678531	0.183363	0.316441	0.603198	0.223459	0.260206	0.167382	0.274594	0.141314
Kappa	0.779003	0.692912	0.667446	0.595345	0.25191	0.288137	0.805066	0.720773	0.645711	0.336352	0.322464	0.695085	0.73482	0.25458	0.385075	0.666016	0.301239	0.327347	0.233312	0.344186	0.202375
unweighted KappaUpper	0.83722	0.755112	0.733598	0.660493	0.328037	0.353133	0.857651	0.784201	0.709351	0.418026	0.388867	0.757013	0.79111	0.325797	0.453708	0.728835	0.379019	0.394488	0.299242	0.413778	0.263437
<i>Bayesian report</i>																					
Bayesian KappaLower	0.712118	0.622854	0.591562	0.522006	0.128243	0.206956	0.745643	0.64811	0.57452	0.218171	0.241241	0.626424	0.673355	0.147452	0.309401	0.597423	0.184542	0.247886	0.131299	0.269819	0.107352
Bayesian Kappa	0.778576	0.692912	0.668221	0.595373	0.260897	0.290001	0.803888	0.720438	0.64604	0.344786	0.324221	0.694978	0.734292	0.261379	0.386429	0.665766	0.308948	0.329361	0.238695	0.346019	0.206489
Bayesian KappaUpper	0.833971	0.754018	0.735299	0.662004	0.376177	0.369145	0.853613	0.782153	0.709535	0.454762	0.402398	0.755519	0.788253	0.363032	0.459486	0.727734	0.418856	0.406621	0.337623	0.418815	0.296903
Skewness Bayesian/Kappa	-0.278745	-0.19397	-0.211174	-0.144592	-0.216084	-0.076699	-0.261122	-0.241873	-0.175862	-0.210071	-0.093025	-0.192241	-0.18594	-0.176975	-0.093073	-0.163698	-0.201837	-0.085527	-0.141926	-0.063929	-0.132822
Kurtosis Bayesian/Kappa	0.118479	0.014527	0.080626	-0.016194	0.068567	0.044067	0.100559	0.105162	0.077777	0.084785	0.000553	0.06779	0.020732	0.068013	0.023507	0.027656	0.095323	-0.007167	0.079609	0.003628	-0.024437
DI	1990.19846	2221.79765	2133.7366	2350.31785	1914.09485	2472.52091	2102.55062	2072.92949	2298.21059	1863.41727	2449.4272	2250.28702	2375.30134	2058.83154	2573.51322	2332.7643	1932.79569	2484.39843	2125.03334	2633.43657	2139.59768
<i>Stationarity p-value</i>																					
cad1	0.8567	0.506618	0.151945	0.218154	0.883883	0.556988	0.50756	0.914688	0.754942	0.184611	0.843757	0.504392	0.147169	0.178402	0.438376	0.351157	0.390039	0.323719	0.277694	0.99154	0.51072
cad2	0.200171	0.676191	0.945664	0.441119	0.421912	0.081378	0.815533	0.95853	0.235079	0.758718	0.164243	0.318162	0.573334	0.10881	0.085561	0.747343	0.71705	0.42987	0.320028	0.05557	0.123981
<i>Sensitivity - Frequentista</i>																					
Class: 1	1	1	0.9697	1	0.33333	0.93939	1	0.97059	1	0.32353	0.91176	0.89189	0.94595	0.2973	0.86486	0.97222	0.30556	0.86111	0.25581	0.74419	0.78947
Class: 2	0.55556	0.75556	0.62222	0.8	0.28889	0.6	1	0.71429	0.93878	0.44898	0.73469	0.53763	0.7957	0.26882	0.66667	0.79104	0.31343	0.62687	0.24771	0.6055	0.64583
Class: 3	0.94237	0.82034	0.88814	0.74576	0.91864	0.5661	0.84385	0.89037	0.74751	0.93355	0.56811	0.94488	0.84646	0.93701	0.61811	0.77003	0.93728	0.58885	0.94397	0.60776	0.52066
Class: 4	0.8254	0.8254	0.61905	0.68254	0.06349	0.22222	1	0.73077	0.78846	0.07692	0.25	0.73077	0.78846	0.07692	0.25	0.8913	0.08696	0.21739	0.07692	0.21154	0.33333
<i>Specificity - Frequentista</i>																					
Class: 1	1	1	0.9697	1	0.33333	0.93939	1	0.97059	1	0.32353	0.91176	0.89189	0.94595	0.2973	0.86486	0.97222	0.30556	0.86111	0.25581	0.74419	0.78947
Class: 2	0.55556	0.75556	0.62222	0.8	0.28889	0.6	1	0.71429	0.93878	0.44898	0.73469	0.53763	0.7957	0.26882	0.66667	0.79104	0.31343	0.62687	0.24771	0.6055	0.64583
Class: 3	0.94237	0.82034	0.88814	0.74576	0.91864	0.5661	0.84385	0.89037	0.74751	0.93355	0.56811	0.94488	0.84646	0.93701	0.61811	0.77003	0.93728	0.58885	0.94397	0.60776	0.52066
Class: 4	0.8254	0.8254	0.61905	0.68254	0.06349	0.22222	1	0.73077	0.78846	0.07692	0.25	0.73077	0.78846	0.07692	0.25	0.8913	0.08696	0.21739	0.07692	0.21154	0.33333

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 10%=436 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – PREVALENCIA HOSPITAL

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
Frequentista report																					
Accuracy	0.889908	0.827982	0.827982	0.761468	0.68578	0.548165	0.892202	0.857798	0.793578	0.729358	0.575688	0.827982	0.837156	0.637615	0.605505	0.802752	0.699541	0.577982	0.598624	0.573394	0.543578
AccuracyLower	0.866693	0.789215	0.789215	0.718619	0.639907	0.500111	0.859237	0.821441	0.752505	0.685042	0.527767	0.789215	0.799086	0.590534	0.557893	0.76225	0.65411	0.530078	0.550925	0.525457	0.495516
AccuracyUpper	0.917704	0.862225	0.862225	0.800728	0.72911	0.595561	0.919712	0.889206	0.830613	0.770529	0.622575	0.862225	0.870572	0.682814	0.651675	0.839088	0.742234	0.62482	0.644975	0.62033	0.591045
AccuracyNull	0.676606	0.676606	0.676606	0.676606	0.676606	0.676606	0.690367	0.690367	0.690367	0.690367	0.690367	0.582569	0.582569	0.582569	0.582569	0.658257	0.658257	0.658257	0.53211	0.53211	0.832569
AccuracyPValue	0	0	0	6.4e-05	0.362042	1	0	0	1e-06	0.042451	1	0	0	0.01085	0.178217	0	0.037582	0.999794	0.00302	0.046271	1
McNemarPValue	NaN	NaN	NaN	0	0	0	NaN	NaN	0	0	0	NaN	0.006777	0	0	NaN	0	0	0	1e-05	NaN
unweighted KappaLower	0.720786	0.630711	0.601294	0.530197	0.175783	0.223141	0.752482	0.657344	0.582071	0.254678	0.258061	0.633157	0.678531	0.183363	0.316441	0.603198	0.223459	0.260206	0.167382	0.274594	0.141314
Kappa	0.779003	0.692912	0.667446	0.595345	0.25191	0.288137	0.805066	0.720773	0.645711	0.336352	0.322464	0.695085	0.73482	0.25468	0.385075	0.666016	0.301239	0.327347	0.233312	0.344186	0.202375
unweighted KappaUpper	0.83722	0.755112	0.733598	0.660493	0.328037	0.353133	0.857651	0.784201	0.709351	0.418026	0.388867	0.757013	0.79111	0.325797	0.453708	0.728835	0.379019	0.394488	0.299242	0.413778	0.263437
Bayesian report																					
Bayesian KappaLower	0.709922	0.621	0.587955	0.51972	0.117603	0.204719	0.744054	0.646212	0.572152	0.205529	0.238699	0.624141	0.673174	0.138696	0.308397	0.595338	0.17478	0.245325	0.124423	0.267854	0.102435
Bayesian Kappa	0.776687	0.690937	0.665596	0.593945	0.251097	0.287867	0.802685	0.718775	0.644397	0.335381	0.322264	0.69324	0.733169	0.25418	0.384319	0.664686	0.301516	0.327028	0.232566	0.343722	0.202508
Bayesian KappaUpper	0.832641	0.752889	0.732576	0.661233	0.368793	0.366251	0.851906	0.780827	0.70877	0.448639	0.400755	0.753633	0.787098	0.35795	0.458313	0.726485	0.41276	0.405428	0.331811	0.417254	0.293609
Skewness BayesianKappa	-0.280976	-0.178064	-0.215585	-0.145401	-0.198338	-0.08684	-0.265555	-0.238511	-0.185748	-0.205762	-0.096999	-0.181644	-0.169653	-0.165651	-0.052036	-0.187978	-0.208667	-0.060595	-0.131675	-0.054324	-0.137526
Kurtosis BayesianKappa	0.160304	0.022805	0.095272	0.016154	0.068245	0.060198	0.106633	0.079629	0.091754	0.064645	0.011901	0.035758	0.040784	0.039902	-0.002399	0.032361	0.069603	-0.002549	0.008697	0.002215	0.030943
DIC	1990.26624	2221.81317	2133.77907	2350.32942	1914.1253	2472.51987	2102.59333	2072.9719	2298.21189	1863.41359	2449.44896	2250.31812	2375.3345	2058.882	2573.55784	2332.7941	1932.83278	2494.41051	2125.04125	2633.46951	2139.59381
Stationarity p-value																					
cad1	0.338457	0.052179	0.358122	0.915625	0.987241	0.203628	0.666397	0.47433	0.20888	0.79786	0.867485	0.809529	0.74986	0.099532	0.951777	0.605528	0.40916	0.13898	0.722841	0.452665	0.104099
cad2	0.614032	0.328931	0.603492	0.115478	0.408284	0.359657	0.771727	0.136622	0.739881	0.887332	0.146288	0.816664	0.961786	0.330185	0.21821	0.889656	0.0913	0.926546	0.989257	0.055002	0.632413
Sensitivity - Frequentista																					
Class: 1	1	1	0.9697	1	0.33333	0.93939	1	0.97059	1	0.32353	0.91176	0.89189	0.94595	0.2973	0.86486	0.97222	0.30556	0.86111	0.25581	0.74419	0.78947
Class: 2	0.55556	0.75556	0.62222	0.8	0.28889	0.6	1	0.71429	0.93878	0.44898	0.73469	0.53763	0.7957	0.26882	0.66667	0.79104	0.31343	0.62687	0.24771	0.6055	0.64583
Class: 3	0.94237	0.82034	0.88814	0.74576	0.91864	0.5661	0.84385	0.89037	0.74751	0.93355	0.56811	0.94488	0.84646	0.93701	0.61811	0.77003	0.93728	0.58885	0.94397	0.60776	0.52066
Class: 4	0.8254	0.8254	0.61905	0.68254	0.06349	0.22222	1	0.73077	0.78846	0.07692	0.25	0.73077	0.78846	0.07692	0.25	0.8913	0.08696	0.21739	0.07692	0.21154	0.33333
Specificity - Frequentista																					
Class: 1	1	1	0.9697	1	0.33333	0.93939	1	0.97059	1	0.32353	0.91176	0.89189	0.94595	0.2973	0.86486	0.97222	0.30556	0.86111	0.25581	0.74419	0.78947
Class: 2	0.55556	0.75556	0.62222	0.8	0.28889	0.6	1	0.71429	0.93878	0.44898	0.73469	0.53763	0.7957	0.26882	0.66667	0.79104	0.31343	0.62687	0.24771	0.6055	0.64583
Class: 3	0.94237	0.82034	0.88814	0.74576	0.91864	0.5661	0.84385	0.89037	0.74751	0.93355	0.56811	0.94488	0.84646	0.93701	0.61811	0.77003	0.93728	0.58885	0.94397	0.60776	0.52066
Class: 4	0.8254	0.8254	0.61905	0.68254	0.06349	0.22222	1	0.73077	0.78846	0.07692	0.25	0.73077	0.78846	0.07692	0.25	0.8913	0.08696	0.21739	0.07692	0.21154	0.33333

INFORME FINAL - TAMAÑO MUESTRA: 10%=436 - MODELO: Dirichlet-Dirichlet – PREVALENCIA ESPAÑA

	1-2	1-3	1-4	1-5	1-6	1-7	2-3	2-4	2-5	2-6	2-7	3-4	3-5	3-6	3-7	4-5	4-6	4-7	5-6	5-7	6-7
<i>Frequentista report</i>																					
<i>Accuracy</i>	0.878552	0.835014	0.846013	0.797434	0.684235	0.501833	0.884051	0.896425	0.823556	0.725481	0.52429	0.853804	0.879468	0.63978	0.538955	0.825848	0.699817	0.528873	0.613657	0.529789	0.498625
<i>AccuracyLower</i>	0.864107	0.818763	0.830176	0.779946	0.664265	0.480634	0.86967	0.882874	0.806901	0.706233	0.503085	0.838276	0.865067	0.619231	0.51777	0.809272	0.680097	0.507672	0.592856	0.50859	0.477431
<i>AccuracyUpper</i>	0.891971	0.850359	0.860914	0.814118	0.703709	0.523027	0.897192	0.908901	0.839337	0.744122	0.545429	0.868374	0.892842	0.659953	0.580036	0.841544	0.718998	0.549995	0.634152	0.550908	0.519823
<i>AccuracyNull</i>	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.664986	0.694775	0.694775	0.694775	0.694775	0.694775	0.584326	0.584326	0.584326	0.584326	0.664528	0.664528	0.664528	0.549496	0.549496	0.824931
<i>AccuracyPValue</i>	0	0	0	0	0.029453	1	0	0	0	0.000907	1	0	0	0	0.999992	0	0.000234	1	0	0.969264	1
<i>McNemarPValue</i>	0	NaN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1e-06	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>unweighted KappaLower</i>	0.731057	0.679779	0.674654	0.623986	0.237765	0.212474	0.764909	0.768838	0.66336	0.293353	0.234038	0.713286	0.779726	0.234132	0.267317	0.6728	0.267987	0.240269	0.222779	0.260454	0.135104
<i>Kappa</i>	0.758162	0.707187	0.703506	0.652371	0.272283	0.240026	0.789182	0.794077	0.690754	0.330097	0.261745	0.739608	0.802127	0.26614	0.297018	0.699935	0.303675	0.268767	0.252961	0.290249	0.160689
<i>unweighted KappaUpper</i>	0.785267	0.734596	0.732358	0.680755	0.306801	0.267579	0.813455	0.819315	0.718158	0.366841	0.289452	0.76593	0.824528	0.298148	0.326719	0.727071	0.339363	0.297265	0.283142	0.320044	0.186275
<i>Bayesian report</i>																					
<i>Bayesian KappaLower</i>	0.727887	0.677377	0.671573	0.621367	0.216293	0.204192	0.762676	0.766209	0.660611	0.274052	0.225487	0.711415	0.777953	0.216641	0.262956	0.670415	0.249077	0.232966	0.205037	0.256784	0.118908
<i>Bayesian Kappa</i>	0.757644	0.706716	0.703176	0.652087	0.27177	0.240138	0.788791	0.793572	0.690308	0.329714	0.261719	0.739206	0.801809	0.265769	0.296937	0.699687	0.303208	0.268574	0.252847	0.290218	0.160861
<i>Bayesian KappaUpper</i>	0.784894	0.734945	0.732578	0.681515	0.324749	0.275077	0.813032	0.818843	0.718504	0.382077	0.297283	0.765482	0.823683	0.312938	0.33023	0.72696	0.354509	0.303517	0.29631	0.323323	0.201358
<i>Skewness BayesianKappa</i>	-0.127978	-0.078454	-0.101152	-0.0684	-0.07072	-0.033515	-0.105859	-0.128838	-0.081069	-0.071902	-0.041922	-0.075571	-0.110125	-0.066826	-0.031796	-0.090674	-0.070314	-0.03271	-0.075403	-0.014671	-0.054695
<i>Kurtosis BayesianKappa</i>	0.049416	0.022939	0.020733	-0.005858	0.026498	0.01581	0.017439	0.02227	0.031836	-0.025778	0.018506	0.008335	0.002808	0.018714	0.014669	-0.023979	-0.008504	-0.014208	0.002512	0.005391	0.008148
<i>DIC</i>	10078.32902	11144.30174	10565.57853	11587.59272	9741.99362	12410.60943	10542.56386	9930.54788	11208.76374	9372.12118	12192.41379	11019.01232	11506.6384	10384.85431	12909.74277	11419.79271	9700.32365	12416.7508	10642.44392	13113.74081	10753.44174
<i>Stationarity p-value</i>																					
<i>cad1</i>	0.593544	0.34685	0.527016	0.541449	0.28714	0.651367	0.615022	0.070242	0.951473	0.124529	0.649081	0.871779	0.700029	0.286682	0.356536	0.22274	0.201317	0.435034	0.74975	0.073603	0.151982
<i>cad2</i>	0.597854	0.249631	0.096981	0.572497	0.559483	0.561703	0.772721	0.453055	0.101495	0.526251	0.935033	0.675396	0.396265	0.767406	0.548069	0.801908	0.683122	0.169686	0.17537	0.570512	0.147855
<i>Sensitivity - Frequentista</i>																					
<i>Class: 1</i>	0.96407	0.98802	0.94611	0.98204	0.52096	0.76048	0.9939	0.96341	0.98171	0.53049	0.76829	0.89503	0.9558	0.49171	0.71823	0.97619	0.5119	0.73214	0.44444	0.67677	0.62595
<i>Class: 2</i>	0.58475	0.76271	0.61864	0.76695	0.26695	0.62712	0.97872	0.82553	0.92766	0.34468	0.69362	0.57604	0.82488	0.23502	0.62442	0.80707	0.29904	0.64952	0.23256	0.60677	0.60177
<i>Class: 3</i>	0.94142	0.82908	0.89938	0.78084	0.91592	0.5224	0.84037	0.91425	0.78034	0.92348	0.52573	0.95765	0.88863	0.93412	0.56	0.79793	0.92276	0.53655	0.94162	0.56464	0.48056
<i>Class: 4</i>	0.76829	0.83537	0.72256	0.79878	0.04268	0.18902	0.98127	0.81648	0.88015	0.05618	0.21723	0.78767	0.87329	0.04795	0.2089	0.90909	0.03953	0.20158	0.03846	0.1859	0.2
<i>Specificity - Frequentista</i>																					
<i>Class: 1</i>	0.96407	0.98802	0.94611	0.98204	0.52096	0.76048	0.9939	0.96341	0.98171	0.53049	0.76829	0.89503	0.9558	0.49171	0.71823	0.97619	0.5119	0.73214	0.44444	0.67677	0.62595
<i>Class: 2</i>	0.58475	0.76271	0.61864	0.76695	0.26695	0.62712	0.97872	0.82553	0.92766	0.34468	0.69362	0.57604	0.82488	0.23502	0.62442	0.80707	0.29904	0.64952	0.23256	0.60677	0.60177
<i>Class: 3</i>	0.94142	0.82908	0.89938	0.78084	0.91592	0.5224	0.84037	0.91425	0.78034	0.92348	0.52573	0.95765	0.88863	0.93412	0.56	0.79793	0.92276	0.53655	0.94162	0.56464	0.48056
<i>Class: 4</i>	0.76829	0.83537	0.72256	0.79878	0.04268	0.18902	0.98127	0.81648	0.88015	0.05618	0.21723	0.78767	0.87329	0.04795	0.2089	0.90909	0.03953	0.20158	0.03846	0.1859	0.2